

EP 00/02005.



|                   |
|-------------------|
| REC'D 10 MAY 2000 |
| WIPO EPO DIRECT   |

25. 04. 2000

4

(51)

## Bescheinigung

Die SCHERING Aktiengesellschaft in Berlin/Deutschland hat eine Patentanmeldung unter der Bezeichnung

"Menschliche Nukleinsäure-Sequenzen aus Endothelzellen"

am 9. März 1999 beim Deutschen Patent- und Markenamt eingereicht.

Das angeheftete Stück ist eine richtige und genaue Wiedergabe der ursprünglichen Unterlage dieser Patentanmeldung.

Die Anmeldung hat im Deutschen Patent- und Markenamt vorläufig die Symbole C 12 N und C 07 K der Internationalen Patentklassifikation erhalten.

München, den 30. März 2000

Deutsches Patent- und Markenamt

Der Präsident

Im Auftrag

Aktenzeichen: 199 11 684.9

Joost

**PRIORITY  
DOCUMENT**  
SUBMITTED OR TRANSMITTED IN  
COMPLIANCE WITH RULE 17.1(a) OR (b)



## Menschliche Nukleinsäure-Sequenzen aus Endothelzellen

Die Erfindung betrifft Nukleinsäure-Sequenzen -mRNA, cDNA, genomische Sequenzen- aus Gewebe menschlicher Endothelzellen, die für Genprodukte oder  
5 Teile davon kodieren und deren Verwendung. Die Erfindung betrifft weiterhin die über die Sequenzen erhältlichen Polypeptide und deren Verwendung.

---

Angiogenese ist ein Prozeß, der im adulten Lebewesen bei den zyklischen Prozessen der Reproduktion in der Frau, bei der Wundheilung und in verschiedenen  
10 pathologischen Situationen zu beobachten ist, wie z. B. Tumorwachstum, rheumatische Erkrankungen, Endometriose, bei der Kollateralenbildung im Herzen und in der Peripherie, etc.

Persistente Angiogenese kann die Ursache für verschiedene Erkrankungen wie  
15 Psoriasis, Arthritis, wie rheumatoide Arthritis, Hämangioma, Angiofibroma, Augenerkrankungen, wie diabetische Retinopathie, Neovaskulares Glaukom, Nierenerkrankungen, wie Glomerulonephritis, diabetische Nephropatie, maligne Nephrosklerose, thrombotische mikroangiopatische Syndrome, Transplantationsabstoßungen und Glomerulopathie, fibrotische Erkrankungen, wie  
20 Leberzirrhose, mesangialzellproliferative Erkrankungen und Arteriosklerose sein oder zu einer Verschlimmerung dieser Erkrankungen führen.

Gelänge es, Angiogenese zu induzieren oder zu hemmen, so würden sich mehrere Erkrankungen grundlegend therapieren lassen. Hierzu müßte man die Gene bzw.  
25 die für die Angiogenese relevanten Nukleinsäure-Sequenzen kennen. Bisher ist nicht bekannt, welche Gene bzw. Nukleinsäure-Sequenzen oder Teile davon angiogeneserelevant sind.

Es konnten nun Nukleinsäure-Sequenzen gefunden werden, die  
30 angiogeneserelevant sind.

Diese Sequenzen sind entweder bisher nicht beschrieben worden oder sie sind nur als Nukleinsäure-Sequenzen aus Nagern bekannt, jedoch ohne Hinweis auf Angiogenese. Weitere Sequenzen sind als humane Gene oder Teile davon

beschrieben, jedoch nicht in bezug auf mögliche angiogeneserelevante Eigenschaften.

Zur Suche nach angiogeneserelevanten Genen wurden Endothelzellen aus Vorhäuten adulter Personen gewonnen, die auf zweierlei Arten kultiviert wurden:

a) auf einer Rattenschwanzkollagenmatrix in subkonfluenter Dichte

und

b) auf einem Gel aus extrazellulärer Matrix (Matrigel).

Unter Kulturform a) bilden die Zellen die klassischen kopfsteinpflasterartigen Monolayer.

Unter Kulturform b) bilden die Zellen netzartige Strukturen mit röhrenförmigen Gebilden.

Die Zellkulturform a) stellt einen frühen Angiogenesezustand mit vornehmlich proliferativem Phänotyp dar.

Die Zellkulturform b) stellt ein Modell für eine spätere Phase der Angiogenese dar, bei der die Differenzierung der Endothelzellen zu einer Bildung von schlauchförmigen Strukturen führt. Diese Strukturen sind eine Voraussetzung für einen Blutfluß, der von der Gewebsfläche separiert ist.

Aus beiden Zellkulturformen wird mRNA isoliert, in cDNA transkribiert, und mit einer Restriktionsendonuklease in Fragmente der Größe von 200 bis 1500 bp geschnitten. Mittels einer subtraktiven PCR-Technik wurden die differentiell vorkommenden Fragmente beider Zustände amplifiziert. Sie wurden in Vektoren eingebaut und kloniert. Die Klone wurden zunächst sequenziert und anschließend wurden ihre Sequenzen mit bioinformatischen Techniken komplettiert.

Mit Hilfe einer quantitativen, in der Literatur beschriebenen PCR-Technik (Pilarsky et al., 1998, s. Versuchsbeschreibung) wurde zunächst untersucht, ob die Gene in den beiden Kulturständen differentiell exprimiert sind. Zur Normierung wurde die Expression des 23 kDalton Proteins (s. Versuchsbeschreibung) als interner Marker verwendet. In der differentiellen Expression traten Verhältnisse von 2-7 fach auf.

Es konnten nun die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 59 gefunden werden, die als Kandidatengene bei der Angiogenese eine Rolle spielen.

Die Erfindung betrifft somit Nukleinsäure-Sequenzen, die ein Genprodukt oder ein Teil davon kodieren, umfassend

a) eine Nukleinsäure-Sequenz, ausgewählt aus der Gruppe der Nukleinsäure-Sequenzen Seq ID Nos. 1 bis Seq. ID No. 59

b) eine allelische Variation der unter a) genannten Nukleinsäure-Sequenzen

oder

c) eine Nukleinsäure-Sequenz, die komplementär zu den unter a) oder b) genannten Nukleinsäure-Sequenzen ist.

Die Erfindung betrifft weiterhin Nukleinsäure-Sequenzen gemäß einer der Sequenzen Seq ID Nos. 1 bis Seq. ID No. 59 oder eine komplementäre oder allelische Variante davon und die Nukleinsäure-Sequenzen davon, die eine 90%ige bis 95% ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweisen.

Die Erfindung betrifft auch die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 59, die in Endothelzellgewebe erhöht exprimiert sind

Die Erfindung betrifft ferner Nukleinsäure-Sequenzen, umfassend einen Teil der oben genannten Nukleinsäure-Sequenzen, in solch einer ausreichenden Größe, daß sie mit den Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 59 hybridisieren.

5

~~Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen weisen im allgemeinen eine~~  
Länge von mindestens 50 bis 3000 bp, vorzugsweise eine Länge von mindestens 150 bis 2800 bp, besonders bevorzugt eine Länge von 150 bis 2600 bp auf.

10

Mit den erfindungsgemäßen Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 59 können gemäß gängiger Verfahrenspraxis auch Expressionskassetten konstruiert werden, wobei auf der Kassette mindestens eine der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen zusammen mit mindestens einer dem Fachmann allgemein bekannten Kontroll- oder regulatorischen Sequenz, wie z. B. einem geeigneten Promotor, kombiniert wird. Die erfindungsgemäßen Sequenzen können in sense oder  
15 antisense Orientierung eingefügt sein.

In der Literatur sind ist eine große Anzahl von Expressionskassetten bzw. Vektoren und Promotoren bekannt, die verwendet werden können.

20

Unter Expressionskassetten bzw. Vektoren sind zu verstehen: 1. bakterielle, wie z. B., phagescript, pBs,  $\phi$ X174, pBluescript SK, pBs KS, pNH8a, pNH16a, pNH18a, pNH46a (Stratagene), pTrc99A, pKK223-3, pKK233-3, pDR540, pRIT5 (Pharmacia),  
2. eukaryontische, wie z. B. pWLneo, pSV2cat, pOG44, pXT1, pSG (Stratagene),  
25 pSVK3, pBPV, pMSG, pSVL (Pharmacia).

Unter Kontroll- oder regulatorischer Sequenz sind geeignete Promotoren zu verstehen. Hierbei sind zwei bevorzugte Vektoren der pKK232-8 und der PCM7 Vektor. Im einzelnen sind folgende Promotoren gemeint: lacI, lacZ, T3, T7, gpt,  
30 lambda P<sub>R</sub>, trc, CMV, HSV Thymidin-Kinase, SV40, LTRs aus Retrovirus und Maus Metallothionein-I.

Die auf der Expressionskassette befindlichen DNA-Sequenzen können ein Fusionsprotein kodieren, das ein bekanntes Protein und ein biologisch aktives Polypeptid-Fragment umfaßt.

5 Die Expressionskassetten sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

---

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können auch zur Herstellung von Vollängen-Genen verwendet werden. Die erhältlichen Gene sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

10

Die Erfindung betrifft auch die Verwendung der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen, sowie die aus der Verwendung erhältlichen Gen-Fragmente.

15

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können mit geeigneten Vektoren in Wirtszellen gebracht werden, in denen als heterologer Teil die auf den Nukleinsäure-Sequenzen enthaltene genetischen Information befindet, die exprimiert wird.

20

Die die Nukleinsäure-Sequenzen enthaltenden Wirtszellen sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

25

Geeignete Wirtszellen sind z. B. prokaryontische Zellsysteme wie *E. coli* oder eukaryontische Zellsysteme wie tierische oder humane Zellen oder Hefen.

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können in sense oder antisense Form verwendet werden.

30

Die Herstellung der Polypeptide oder deren Fragment erfolgt durch Kultivierung der Wirtszellen gemäß gängiger Kultivierungsmethoden und anschließender Isolierung und Aufreinigung der Peptide bzw. Fragmente, ebenfalls mittels gängiger Verfahren. Die Erfindung betrifft ferner Nukleinsäure-Sequenzen, die mindestens eine Teilsequenz eines biologisch aktiven Polypeptids kodieren.

Ferner betrifft die vorliegende Erfindung Polypeptid-Teilsequenzen, sogenannte ORF (open-reading-frame)-Peptide, die von den erfinderischen Teilsequenzen exprimiert werden.

5

Die Erfindung betrifft ferner die Polypeptid-Sequenzen, die mindestens eine 80%ige Homologie, insbesondere eine 90%ige Homologie zu den Polypeptiden aufweisen.

10

Die Erfindung betrifft auch Antikörper, die gegen ein Polypeptid oder ein Fragment gerichtet sind, welche von den erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 59 kodiert werden.

Unter Antikörper sind insbesondere monoklonale Antikörper zu verstehen.

15

Die von den erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen kodierten Polypeptide können auch als Tool zum Auffinden von Wirkstoffen bei angiogenen Erkrankungen verwendet werden, was ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung ist.

20

Ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung ist die Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 59 zur Expression von Polypeptiden, die als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen angiogenetische Erkrankungen verwendet werden können.

25

Die Erfindung betrifft auch die Verwendung der von den erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 59 exprimierten Polypeptide als Arzneimittel in der Gentherapie zur Behandlung angiogener Erkrankungen, bzw. zur Herstellung eines Arzneimittels zur Behandlung angiogener Erkrankungen.

30

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäuren bzw. die über diese Nukleinsäuren exprimierten Proteine können somit entweder alleine oder in Formulierung als Arzneimittel zur Behandlung von Psoriasis, Arthritis, wie rheumatoide Arthritis, Hämangioma, Angiofibroma, Augenerkrankungen, wie diabetische Retinopathie,

Neovaskuläres Glaukom, Nierenerkrankungen, wie Glomerulonephritis, diabetische Nephropathie, maligne Nephrosklerose, thrombotische mikroangiopathische Syndrome, Transplantationsabstoßungen und Glomerulopathie, fibrotische Erkrankungen, wie Leberzirrhose, mesangialzellproliferative Erkrankungen, Arteriosklerose und Verletzungen des Nervengewebes zum Einsatz kommen.

Die Erfindung betrifft auch Arzneimittel, die mindestens eine Polypeptidsequenz enthalten, die von den erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 59 exprimiert werden.

Die gefundenen erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können auch genomische oder mRNA-Sequenzen sein.

Die Erfindung betrifft auch genomische Gene, ihre Promotoren, Enhancer, Silencer, Exonstruktur, Intronstruktur und deren Spleißvarianten, erhältlich aus den cDNAs der Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 59, sowie deren Verwendung zusammen mit geeigneten regulativen Elementen, wie geeigneten Promotoren und/oder Enhancern.

Mit den erfindungsgemäßen Nukleinsäuren (cDNA-Sequenzen) werden genomische BAC-, PAC- und Cosmid-Bibliotheken gescreent und über komplementäre Basenpaarung (Hybridisierung) spezifisch humane Klone isoliert. Die so isolierten BAC-, PAC- und Cosmid-Klone werden mit Hilfe der Fluoreszenz-in-situ-Hybridisation auf Metaphasenchromosomen hybridisiert und entsprechende Chromosomenabschnitte identifiziert, auf denen die entsprechenden genomischen Gene liegen. BAC-, PAC- und Cosmid-Klone werden sequenziert, um die entsprechenden genomischen Gene in ihrer vollständigen Struktur (Promotoren, Enhancer, Silencer, Exons und Introns) aufzuklären. BAC-, PAC- und Cosmid-Klone können als eigenständige Moleküle für den Gentransfer eingesetzt werden.

Die Erfindung betrifft auch BAC-, PAC- und Cosmid-Klone, enthaltend funktionelle Gene und ihre chromosomale Lokalisation, entsprechend den Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 59, zur Verwendung als Vehikel zum Gentransfer.

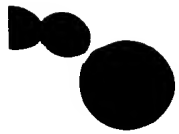
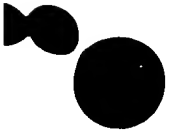


## Bedeutungen von Fachbegriffen und Abkürzungen

Nukleinsäuren= Unter Nukleinsäuren sind in der vorliegenden Erfindung zu verstehen: mRNA, partielle cDNA, volllänge cDNA und genomische Gene (Chromosomen).

5

~~ORF = Open Reading Frame, eine definierte Abfolge von Aminosäuren,~~  
die von der cDNA-Sequenz abgeleitet werden kann.



Die nachfolgenden Beispiele erläutern die Herstellung der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen, ohne die Erfindung auf diese Beispiele und Nukleinsäure-Sequenzen zu beschränken.

5

## **Beispiel 1**

---

### **1. Suche nach angiogeneserelevanten Kandidatengenen**

10

#### **1.1 Verwendete Zellen**

Primäre, humane, mikrovaskuläre Endothelzellen (MVEC) wurden aus menschlichen Vorhäuten präpariert und mittels biotinyliertem anti CD31 (PECAM) Antikörper selektioniert (Referenz).

15

Kulturbedingungen: 37°C, 5%CO<sub>2</sub>

Medium: M199, 10% FCS, 10% Humanserum, 6µg/ml ECGF, 1mM  
Natriumpyruvat, 3 U/ml Heparin, 100 U/ml Penicilin, 100µg/ml  
Streptomycin, 1x nicht essentielle Aminosäuren

20

#### **1.2 Kultivierung und RNA-Präparation**

Für die Kulturform a) werden die Zellen auf mit Collagen I beschichtetem Plastik kultiviert. Für die Kulturform b) werden die Zellen auf einem Gel aus extrazellulären Matrixproteinen ausgebracht. Das dazu verwendete Matrigel (Becton Dickinson) wurde 1 zu 1 mit M199 Medium verdünnt, in der Kälte in das verwendete Kulturgefäß gegossen (60µl/cm<sup>2</sup>) und bei 37°C für 30 min. geliert. Anschließend wurden die Zellen ausgebracht.

25

Für Kulturform a) und b) wurden MVEC in einer Dichte von 2x10<sup>4</sup>/cm<sup>2</sup> ausgebracht und für 7h bei 37°C, 5% CO<sub>2</sub> inkubiert.

30

Die Gesamt-RNA-Präparation wurde nach der Guanidinium Thiocyanat Methode mit anschließender Zentrifugation durch ein Caesiumchlorid-Kissen durchgeführt

(Sambrook J., Fritsch E. F., and Maniatis T.; 1989, Molecular Cloning: A Laboratory Manual, Cold Spring Harbour Laboratory Press).

Die polyA<sup>+</sup> RNA-Selektion wurde über oligo(dT)-Zellulosesäulen (mRNA Purification Kit, Pharmacia Biotech) durchgeführt.

5

### 1.3 Erstellen von subtraktiven cDNA-Banken

Die Subtraktion wurde nach der Methode von Diatchenko et al. (Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A., 1996 Jun 11, 93:6025-30) mit Hilfe des PCR-Select cDNA Subtraction Kit durchgeführt.

Die polyA<sup>+</sup> RNA, die die Zielsequenzen enthält, wird als Tester, die davon abzuziehende polyA<sup>+</sup> RNA als Driver bezeichnet.

Es wurden 2 Subtraktionen durchgeführt, wobei einmal die polyA<sup>+</sup> RNA der Kulturform a) und einmal die polyA<sup>+</sup> RNA der Kulturform b) als Tester diente. Die folgende Versuchsbeschreibung stellt exemplarisch nur eine Subtraktion dar.

### 1.4 Synthese von doppelsträngiger cDNA (ds cDNA)

Sowohl für den Tester als auch für den Driver wird eine doppelsträngige cDNA-Synthese durchgeführt.

#### 1. Strang-Synthese

Die Strangsynthese wird mit folgendem Ansatz durchgeführt:

|                            |         |
|----------------------------|---------|
| polyA <sup>+</sup> RNA     | 2µg     |
| cDNA-Synthese Primer(10µM) | 1µl     |
| Wasser                     | add 5µl |

Die Reaktionen werden für 2 min. bei 70°C und anschließend 2 min auf Eis inkubiert.

Zu jeder Reaktion wurde folgendes zugegeben:

|   |  |     |
|---|--|-----|
|   | 5x First-strand buffer ( 250mM Tris-HCL, pH8, 330mM Mg-Chlorid, 375mM KCl) | 2µl |
|   | 10mM dNTP  | 1µl |
| 5 | Wasser   | 1µl |
|   | MMLV reverse transcriptase (200 U/µl)                                      | 1µl |

---

Die Reaktionen wurden für 90 Minuten bei 42°C und anschließend für 2 Minuten auf Eis inkubiert.

## 2. Strang-Synthese

Die 2. Strang-Synthese wurde mit folgendem Ansatz durchgeführt:

|    |  |        |
|----|--|--------|
|    | 1. Strang-Synthese   | 10µl   |
| 15 | Wasser   | 48,4µl |
|    | 5x Second-strand buffer(500mM KCL, 50mM Ammoniumsulfat, 25mM Mg-Chlorid, 0,75mM β-NAD, 100mM Tris-HCL, pH7,5, 0,25mg/ml BSA) | 16µl   |
|    | 10mM dNTP  | 1,6µl  |
| 20 | 20x Second-strand enzyme cocktail (DNA Polymerase 1 6U/µl<br>Rnase H 0,2U/µl, <i>E. coli</i> DNA Ligase 1,2U/µl)             | 4µl    |

Die Reaktionen wurden für 2h bei 16°C inkubiert.

Zu jeder Reaktion wurde T4 DNA Polymerase wie folgt zugegeben:

|    |                         |     |
|----|-------------------------|-----|
| 25 | T4 DNA Polymerase 3U/µl | 2µl |
|----|-------------------------|-----|

Die Reaktionen wurden für 30 min bei 16°C inkubiert.

Die Reaktionen wurden mit EDTA abgestoppt, wobei die Lösung folgende Zusammensetzung aufweist:

|    |   |     |
|----|---|-----|
| 30 | 20x EDTA/Glykogen Mix (200mM EDTA, 1mg/ml Glykogen) | 4µl |
|----|---|-----|

Es wurde für jede Reaktion eine Phenol/Chloroform-Extraktion und eine Ethanol-Präzipitation durchgeführt. Die Pellets wurden in je 50µl Wasser resuspendiert.

## 5 1.5 Rsa I-Verdau der ds cDNA

Sowohl für den Tester als auch für den Driver wurde ein Rsa I-Verdau durchgeführt. Hierzu wurden folgende Lösungen verwendet:

|    |   |        |
|----|---|--------|
| 10 | ds cDNA   | 43,5µl |
|    | 10x Rsa I Restriktionspuffer (100mM Bis Tris Propan-HCl, pH7,0, 100mM Mg-Clorid, 1mM DTT) | 5µl    |
|    | Rsa I (10U/µl)  | 1,5µl  |

- 15 Die Reaktionen wurden für 90 min bei 37°C inkubiert.  
Die Reaktionen wurden anschließend mit EDTA abgestoppt, wobei die Lösung folgende Zusammensetzung aufweist:

|    |                                   |                  |       |
|----|-----------------------------------|------------------|-------|
| 20 | 20x EDTA/Glykogen Mix (200mM EDTA | 1mg/ml Glykogen) | 2,5µl |
|----|-----------------------------------|------------------|-------|

Anschließend wurde für jede Reaktion eine Phenol/Chloroform-Extraktion und eine Ethanol-Präzipitation durchgeführt. Die hierbei entstehenden Pellets wurden in je 5,5µl Wasser für die weitere Verarbeitung resuspendiert.

25

## 1.6 Adaptor-Ligation an Rsa I verdaute ds Tester cDNA

Die Tester-cDNA wurde in 2 Fraktionen aufgeteilt. An jede Tester-Fraktion wurde ein Adapter ligiert. Die Konzentrationen der verwendeten Substanzen für die beiden  
30 Tester sind im einzelnen in der nachfolgenden Tabelle aufgeführt.

|  | <u>Tester-1</u> | <u>Tester-2</u> |
|--|-----------------|-----------------|
| Tester-cDNA  | 0,1µl           | 0,1µl           |
| 5x Ligationspuffer<br>(250mM Tris-HCl, pH7,8<br>50mM MgCl <sub>2</sub> | 2µl             | 2µl             |
| 10mM DTT<br>0,25mg/ml BSA)   |                 |                 |
| T4 DNA Ligase (400U/µl)  | 1µl             | 1µl             |
| Adaptor 1 (10µM)   | 2µl             | --              |
| Adaptor 2 (10µM)   | --              | 2µl             |
| H <sub>2</sub> O   | 4,9µl           | 4,9µl           |
| Gesamtvolumen  | 10µl            | 10µl            |

Die Reaktionen wurden über Nacht bei 16°C inkubiert und anschließend mit EDTA abgestoppt (20x EDTA/Glykogen Mix, 1µl (200mM EDTA, 1mg/ml Glykogen)).

- 5 Die Reaktionen wurden für 5 min bei 72°C inkubiert.

## 1.7 Subtraktive Hybridisierungen

10

Die Driver und Tester wurden anschließend miteinander in zwei Schritten hybridisiert.

### Hybridisierung

15

Die erste Hybridisierung wurde für die beiden Reaktionen mit den in der folgenden Tabelle aufgeführten Lösungen und Verbindungen durchgeführt.

|                               | Reaktion 1 | Reaktion 2 |
|-------------------------------|------------|------------|
| Rsa I verdaute Driver<br>cDNA | 1,5µl      | 1,5µl      |
| Adaptor 1 ligierter Tester 1  | 1,5µl      | --         |
| Adaptor 2 ligierter Tester 2  | --         | 1,5µl      |
| 4x Hybridisierungspuffer      | 1µl        | 1µl        |
| Gesamtvolumen                 | 4µl        | 4µl        |

Die Reaktionen wurden für 90 sek bei 98°C und anschließend direkt für 8h bei 68°C inkubiert.

#### 1. Hybridisierung:

Für die 2. Hybridisierung wurden Reaktion 1 und 2 gemischt und frisch denaturierter Driver wie folgt zugegeben:

10

|                          |     |
|--------------------------|-----|
| Driver                   | 1µl |
| 4x Hybridisierungspuffer | 1µl |
| Wasser                   | 2µl |

1µl dieser Mischung wurde für 90 sek bei 98°C inkubiert und anschließend möglichst schnell mit Reaktion 1 und Reaktion 2 fusioniert.

Die 2. Hybridisierung wurde bei 68°C über Nacht inkubiert. Anschließend wurden zur 2. Hybridisierung 200µl Verdünnungspuffer (20mM HEPES-HCl (pH8,3), 50mM NaCl, 0,2mM EDTA (pH8,0)) zugegeben. Danach wurde die 2. Hybridisierung für 7 min bei 68°C inkubiert. Der so hergestellte Ansatz wurde dann für die PCR eingesetzt.

20

Differentiell exprimierte Fragmente in den subtrahierten cDNA Pools wurden über zwei aufeinanderfolgende PCRs selektiv amplifiziert.

Die 1. PCR wurde mit folgendem Ansatz durchgeführt:

25

|   |   |                |
|---|---|----------------|
|   | 10x PCR-Puffer (400mM Tricine-KOH, pH9,2, 150mM KOAc,<br>35mM MG(OAc) <sub>2</sub> , 37,5µg/ml BSA) | 2,5µl          |
|   | 10mM dNTP   | 0,5µl          |
|   | PCR Primer 1 (10µM)   | 1µl            |
| 5 | 50x Advantage cDNA Polymerase   | 0,5µl          |
|   | <del>verdünnte 2. Hybridisierung</del>  | <del>1µl</del> |
|   | Wasser  | 19,5µl         |

|    |  |              |
|----|--|--------------|
|    | Das PCR-Programm wurde wie folgt durchgeführt: | 75°C, 5 min  |
| 10 | Schleife                                       | 94°C, 30 sek |
|    |  | 66°C, 30 sek |
|    |  | 72°C, 90 sek |

Insgesamt wurden 27 Zyklen durchgeführt.

15

Die zweite PCR wurde mit folgendem Ansatz durchgeführt:

|    |                               |        |
|----|-------------------------------|--------|
|    | 10x PCR-Puffer                | 2,5µl  |
|    | 10mM dNTP                     | 0,5µl  |
| 20 | nested PCR-Primer 1 (10µM)    | 1µl    |
|    | nested PCR Primer 2R (10µM)   | 1µl    |
|    | 50x Advantage cDNA Polymerase | 0,5µl  |
|    | PCR Produkt                   | 0,1µl  |
|    | H <sub>2</sub> O              | 19,4µl |

25

|  |  |              |
|--|--|--------------|
|  | Das PCR-Programm wurde wie folgt durchgeführt: | 94°C, 30 sek |
|  |  | 68°C, 30 sek |
|  |  | 72°C, 90 sek |

Insgesamt wurden 12 Zyklen durchgeführt.

30



Die Subtraktionseffizienz wurde durch eine semi-quantitative PCR für ein bekanntes nicht reguliertes Gen ( SH3P18) überprüft. Es zeigte sich eine Reduktion in dem subtrahierten cDNA Pool um einen Faktor von 150- 200.

5

## 2. Ligation der subtrahierten cDNA Pools in pUC 18

Die vorwärts und rückwärts subtrahierten cDNA Pools wurden in pUC 18 Sma I/BAP ligiert (SureClone Ligation Kit, Pharmacia Biotech) und anschließend in chemisch kompetente E. coli DH5 $\alpha$  kloniert.

10

Die Fragmente der subtrahierten cDNA Pools wurden dazu zu Blunt-Enden aufgefüllt und phosphoryliert. Folgende Zusammensetzungen wurden hierfür verwendet:

15

|                              |                |
|------------------------------|----------------|
| Subtrahierter cDNA Pool      | 1,5 $\mu$ g    |
| Klenow Fragment              | 1 $\mu$ l      |
| 10x Blunting/Kinasing Buffer | 2 $\mu$ l      |
| Polynucleotide Kinase        | 1 $\mu$ l      |
| Wasser                       | add 20 $\mu$ l |

20

Die Reaktionen wurden für 30 min bei 37°C inkubiert, anschließend über PCR Purification Columns aufgereinigt und in 30 $\mu$ l Wasser eluiert. Anschließend wurde die DNA-Konzentration wurde mittels OD-Messung bestimmt.

25

### 2.1 Ligation in pUC 18

Die Ligation in pUC 18 wurde mit folgendem Ansatz durchgeführt:

30

|                                  |           |
|----------------------------------|-----------|
| Blunt-ended cDNA Pool            | 50ng      |
| pUC 18 Sma I/BAP (50ng/ $\mu$ l) | 1 $\mu$ l |

|                       |          |
|-----------------------|----------|
| 2x Ligationspuffer    | 10µl     |
| DTT                   | 1µl      |
| T4 DNA Ligase (6U/µl) | 3µl      |
| Wasser                | add 20µl |

5

Die Reaktionen wurden über Nacht bei Raumtemperatur inkubiert.

## 2.2 Transformation der Ligationen in E. coli DH5α

10

Die Ligationen wurden in chemisch kompetente E. coli DH5α transformiert.

Die transformierten Zellen wurden auf 2YT Agarose-Platten mit 100µg/ml Ampicilin, 625µM IPTG und 0,005% X-Gal ausgestrichen und über Nacht bei 37°C angezogen.

15

Auf 17 zufällig ausgewählten, weißen Klonen wurde eine Kolonie-PCR mit Vektor-Primern (M13 Standardprimer) durchgeführt. 15-16 Klone zeigten dabei Inserts mit einer Größenverteilung, die der des verwendeten cDNA Pools entsprach.

Für jede Subtraktion wurden 1536 Klone in 384-well Platten mit 50µl 2YT, 1xHMF, 100µg/ml Ampicilin pro well transferiert. Die gefüllten 384-well Platten wurden über Nacht bei 37°C inkubiert und konnten dann bei -80°C gelagert werden.

20

## 3. Herstellung von Kolonie-Filtern:

25

Die 1536 Klone einer subtraktiven cDNA Bank wurden auf eine Hybond Nylon N+ Membran (Amersham) angeimpft. Die Membran wurde auf eine 2YT Agarose-Platte mit 100µg/ml Ampicilin gelegt und über Nacht bei 37°C inkubiert. Die Membran wurde mit der Kolonie-Seite nach oben für 4 min auf in Denaturierungslösung (0,5M NaOH, 1,5M NaCl) getränktes Whatman 3MM Papier gelegt. Anschließend wurde die Membran für 4 min auf in Neutralisierungslösung (1M Tris-HCl (pH7,5), 1,5M NaCl) getränktes Whatman 3MM Papier inkubiert. Die Membran wurde dann für 1h bei 37°C mit Proteinase K behandelt. Die Membran wurde dazu in 300ml Proteinase K Puffer (50mM NaCl, 5mM EDTA, 10mM Tris-HCl (pH8), 50mg/ml Proteinase K)

30

getaucht. Schließlich wurde die Membran bei 80°C für 3h getrocknet und wurde dann für die Hybridisierungen verwendet.

#### 5 4. Differentielle Hybridisierung:

Um die differentielle Expression der klonierten Fragmente nachzuweisen wurde mit Hilfe eines PCR-Select Differential Screening Kits eine differentielle Hybridisierung auf Kolonie-Filtern der subtraktiven cDNA-Banken durchgeführt.

10

Für eine spezifische Hybridisierung der vorwärts und rückwärts subtrahierten cDNA Pools auf die subtraktiven cDNA-Bank Kolonie-Filter war es notwendig die Adapter-Sequenzen in der Hybridisierungsprobe zu entfernen.

15

Als Hybridisierungsproben für die Rsa I-Restriktion der subtrahierten cDNA Pools wurden eingesetzt:

|                              |                                   |      |
|------------------------------|-----------------------------------|------|
| cDNA Pool                    |                                   | 28µl |
| 10x Rsa I Restriktionspuffer | (100mM Bis Tris Propan-HCl, pH7,0 |      |
| 100mM Mg-Chlorid, 1mM DTT)   |                                   | 3µl  |
| Rsa I (10U/µl)               |                                   | 2µl  |

20

Die Reaktionen wurden bei 37°C für 5h inkubiert und anschließend über PCR-Reinigungssäulen aufgereinigt und in 30µl Wasser eluiert. Die DNA-Konzentration wurde mittels OD-Messung bestimmt.

25

#### 5. Radioaktive Markierung der subtrahierten cDNA Pools

Die radioaktive Markierung der subtrahierten cDNA Pools wurde mit folgendem Ansatz durchgeführt:

30

|           |          |     |
|-----------|----------|-----|
| cDNA Pool | 150ng in | 9µl |
|-----------|----------|-----|

### 3. Berechnung einer Konsensus-Sequenz aus den assemblierten Sequenzen.

Nun wird versucht die Konsensus-Sequenz in gleicher Weise zu verlängern. Diese

5 Iteration wird mit der jeweils erhaltenen Konsensus-Sequenz fortgesetzt, bis keine weitere Verlängerung mehr möglich ist.

---

## 10. Gefundene Nukleinsäure-Sequenzen

10

Analog der unter 1 bis 9 beschriebenen Verfahrensweise wurden z. B. folgende Sequenzen gefunden, von denen einige mehrfach in Kulturform a) oder Kulturform b) der Endothelzellen überexprimiert werden.

15 Diese Nukleinsäure-Sequenzen sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

Die mögliche Funktion dieser Genbereiche betrifft die Angiogenese.

20 Das Ergebnis ist in der folgenden Tabelle I dargestellt:

TABELLE I

| Seq ID No | Expression                  | Funktion                                     | Homologie                              |
|-----------|-----------------------------|--|--|
| 1         | überexprimiert in a)        | Assoziiert mit Proliferation                 | Keine                                  |
| 2         | überexprimiert in a)        | Assoziiert mit Proliferation                 | Keine                                  |
| 3         | überexprimiert in b)        | Assoziiert mit Differenzierung               | Keine                                  |
| 4         | 3-fach überexprimiert in b) | gap junction, assoziiert mit Differenzierung | connexin37; 96% Identität über 933 bp. |
| 5         | überexprimiert in a)        | Assoziiert mit Proliferation                 | Keine                                  |
| 6         | 2-fach überexprimiert in b) | Assoziiert mit Differenzierung               | Keine                                  |
| 7         | überexprimiert in a)        | Assoziiert mit Proliferation                 | Keine                                  |
| 8         | überexprimiert in b)        | Assoziiert mit Differenzierung               | Keine                                  |
| 9         | überexprimiert in b)        | Assoziiert mit Differenzierung               | Keine                                  |
| 10        | überexprimiert in b)        | Assoziiert mit Differenzierung               | SPRY2; 99% Identität über 1489 bp.     |
| 11        | überexprimiert in b)        | assoziiert mit Differenzierung               | Keine                                  |
| 12        | überexprimiert in b)        | assoziiert mit Differenzierung               | mouse Gas5; 78% Identität über 121 bp. |
| 13        | überexprimiert in b)        | assoziiert mit Differenzierung               | Keine                                  |
| 14        | überexprimiert in b)        | assoziiert mit Differenzierung               | Keine                                  |
| 15        | überexprimiert in b)        | assoziiert mit Differenzierung               | Keine                                  |
| 16        | überexprimiert in b)        | assoziiert mit Differenzierung               | Keine                                  |
| 17        | überexprimiert in b)        | assoziiert mit Differenzierung               | Keine                                  |
| 18        | überexprimiert in b)        | assoziiert mit Differenzierung               | Keine                                  |
| 19        | überexprimiert in b)        | assoziiert mit Differenzierung               | Keine                                  |
| 20        | überexprimiert in b)        | assoziiert mit Differenzierung               | Keine                                  |
| 21        | überexprimiert in b)        | assoziiert mit Differenzierung               | Keine                                  |

| Seq ID-No | Expression                  | Funktion                                    | Homologie  |
|-----------|-----------------------------|---|--|
| 22        | überexprimiert in b)        | assoziiert mit Differenzierung              | Keine  |
| 23        | 5-fach überexprimiert in b) | assoziiert mit Differenzierung              | mouse MMP; 83% Identität über 831 bp.                      |
| 24        | überexprimiert in b)        | assoziiert mit Differenzierung              | Keine  |
| 25        | 4-fach überexprimiert in b) | assoziiert mit Differenzierung              | Keine  |
| 26        | überexprimiert in b)        | assoziiert mit Differenzierung              | Keine  |
| 27        | überexprimiert in b)        | assoziiert mit Differenzierung              | Keine  |
| 28        | überexprimiert in b)        | assoziiert mit Differenzierung              | KIAA0255; 57% Identität über 326 bp.                       |
| 29        | überexprimiert in b)        | assoziiert mit Differenzierung              | thymic epithelial cell antigen; 68% Identität über 326 bp. |
| 30        | überexprimiert in b)        | assoziiert mit Differenzierung              | Keine  |
| 31        | 4-fach überexprimiert in b) | assoziiert mit Differenzierung              | Keine  |
| 32        | überexprimiert in b)        | assoziiert mit Differenzierung              | Keine  |
| 33        | überexprimiert in b)        | assoziiert mit Differenzierung              | Keine  |
| 34        | überexprimiert in b)        | assoziiert mit Differenzierung              | Keine  |
| 35        | überexprimiert in b)        | assoziiert mit Differenzierung              | Keine  |
| 36        | überexprimiert in a)        | assoziiert mit Proliferation                | Keine  |
| 37        | überexprimiert in b)        | assoziiert mit Differenzierung              | CL-20; 87% Identität über 122 bp.                          |
| 38        | 5-fach überexprimiert in b) | assoziiert mit Differenzierung              | mouse Numb; 90% Identität über 310 bp.                     |
| 39        | überexprimiert in a)        | assoziiert mit Proliferation                | Keine  |
| 40        | überexprimiert in b)        | assoziiert mit Differenzierung              | Keine  |
| 41        | 5-fach überexprimiert in a) | assoziiert mit Proliferation                | Keine  |
| 42        | 6-fach überexprimiert in a) | Coreprozessor, assoziiert mit Proliferation | SMRT; 99% Identität über 785 bp.                           |
| 43        | überexprimiert in a)        | assoziiert mit Proliferation                | Keine  |
| 44        | überexprimiert in a)        | assoziiert mit Proliferation                | Keine  |
| 45        | überexprimiert in a)        | assoziiert mit Proliferation                | Keine  |
| 46        | überexprimiert in a)        | assoziiert mit Proliferation                | Keine  |

| Seq ID-No | Expression                  | Funktion                                      | Homologie                           |
|-----------|-----------------------------|---|-------------------------------------|
| 47        | 5-fach überexprimiert in b) | assoziiert mit Differenzierung                | Keine                               |
| 48        | überexprimiert in a)        | assoziiert mit Proliferation                  | MUC18; 99% Identität über 780 bp.   |
| 49        | überexprimiert in a)        | assoziiert mit Proliferation                  | Keine                               |
| 50        | überexprimiert in a)        | assoziiert mit Proliferation                  | Keine                               |
| 51        | 3-fach überexprimiert in a) | assoziiert mit Proliferation                  | Keine                               |
| 52        | überexprimiert in a)        | assoziiert mit Proliferation                  | Keine                               |
| 53        | überexprimiert in a)        | assoziiert mit Proliferation                  | Keine                               |
| 54        | überexprimiert in a)        | assoziiert mit Proliferation                  | Keine                               |
| 55        | 7-fach überexprimiert in a) | assoziiert mit EC Proliferation und Migration | CYR61; 100% Identität über 2015 bp. |
| 56        | überexprimiert in a)        | assoziiert mit Proliferation                  | Keine                               |
| 57        | überexprimiert in a)        | assoziiert mit Proliferation                  | Keine                               |
| 58        | 3-fach überexprimiert in a) | assoziiert mit Proliferation                  | Keine                               |
| 59        | überexprimiert in b)        | Assoziiert mit Differenzierung                | Keine                               |

a), b) = Kulturformen

5

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 59 der ermittelten Kandidatengene werden in dem nachfolgenden Sequenzprotokoll beschrieben.

15

## Sequenzprotokoll

### 5 (1) ALLGEMEINE INFORMATION:

---

#### (i) ANMELDER:

(A) NAME: Schering Aktiengesellschaft

(B) STRASSE: Müllerstraße 178

(C) STADT: Berlin

(E) LAND: Deutschland

(F) POST CODE (ZIP): D-13303

(G) TELEFON: (030)-4681 2085

(H) TELEFAX: (030)-4681 2058

(ii) TITEL DER ERFINDUNG: Menschliche Nukleinsäuresequenzen aus  
humanen Endothelzellen

(iii) Anzahl der Sequenzen: 59

#### (iv) COMPUTER READABLE FORM:

(A) MEDIUM TYPE: Floppy disk

(B) COMPUTER: IBM PC compatible

(C) OPERATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS

(D) SOFTWARE: PatentIn Release #1.0, Version #1.25 (EPO)

### 30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 1:

#### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:



(A) LÄNGE: 1835 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

10

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

15

(C) ORGAN: Endothelzelle

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 1:

25

30

35

40

|            |             |             |             |            |            |      |
|------------|-------------|-------------|-------------|------------|------------|------|
| ttttacagtt | ttccttttct  | tcagagttta  | ttttgaattt  | tcattttttg | ataaccaagc | 60   |
| agctctttta | gaagaatgca  | cagaagagtc  | attctggcac  | ttttggatag | tacataagat | 120  |
| tttctttttt | tttttttaaat | ttttttttaat | agtcacattc  | agctcgcttg | ctcaaaccag | 180  |
| actcccacat | tgggtgagca  | agatgagccc  | ataggattcc  | agagttaata | cgtaaccgta | 240  |
| tatacaaaca | gccaaaaaac  | cataatgggtg | ccacagggat  | ggagcaggga | agggcatctc | 300  |
| taacgtgtcc | tctagtctat  | cttcgctaaa  | cagaaccac   | gttacacatg | ataactagag | 360  |
| agcacactgt | gttgaaacga  | ggatgctgac  | cccaaattggc | acttggcagc | atgcagttta | 420  |
| aagcaaaaga | gacatccttt  | aataactgta  | taaaatccag  | gcagttccat | taaagggggt | 480  |
| aagaaaacca | acaacaacaa  | aaagcgaggg  | actgtctgtt  | gtcactgtca | aaaaggcact | 540  |
| tggagttaat | gggaccagga  | ttggaggact  | cttagctgat  | acagatttca | gtacgatttc | 600  |
| attaaaaggc | ttggatgtta  | agagaggaca  | ctcagcgggt  | cctgaaggga | gacgctgaga | 660  |
| tggaccgctg | agaagcggaa  | cagatgaaca  | caaaggaatc  | aaatctttac | aaccaaattg | 720  |
| catttaagcg | acaacaaaaa  | aaggcaaacc  | ccaaaacgca  | acctaaccac | agcaaaatct | 780  |
| aagcaaaatc | agacaacgaa  | gcagcgatgc  | atagctttcc  | tttgagagaa | cgcatacctt | 840  |
| gagacgctac | gtgccaacct  | aagttctcaa  | cgacagcttc  | acagtaggat | tattgtgata | 900  |
| aaaatgactc | aagcgatgca  | aaaagtttca  | tctgttccca  | gaatccgagg | gagaactgag | 960  |
| gtgatcgtta | gagcatagcg  | acatcacgtg  | cggtttctta  | atgtcccttg | tggcggatac | 1020 |
| gccgagtcct | cgggaaggaca | tctggacacc  | acttttcagc  | acctccttgc | aggggcgaca | 1080 |

tccgccaaag tcataccttta ttccgagtaa taactttaat tcctttctaa catttacacg 1140  
 gcaaacagga atgcagtaaa cgtccacgtc cgtcccacgg ctgggctgcc gttccgtttc 1200  
 ctccacgaac gggtagcgc ttccatgaga aaggatattt ggcaatttta tattccacag 1260  
 tcaggtgggt ctgcgatagc tcatttaatg ttaaagcca tcaggggcct ctctcccgt 1320  
 5 ttctgccagg ggcttttctt gtcttctcct tggcgagtc gtgggcagat cttctctggt 1380  
 gggggctggc tgctggctcc gagggggcat ccgcagtcg tctggctgct tcctcctgca 1440  
 ggctgggcag ctggccacca cttctccgac tcgacccctc caacaagcat cgcagggcac 1500  
 tgtcctcggg ggtacagacc gtgggtcccac attcgctacc actctgttcc acgtcatcca 1560  
 ggtacacgag ctgcgtgtag gccgtgctgt ctggggctcg aggtctttc tgctgggtgct 1620  
 10 ~~cttggacggg cgggtagttc tgctgcagag acaaagcacc tccccttccc ttcggggtg 1680~~  
 attttggttc attcatatct acgccagagt ccaaactggc atcattactt ccgttccttc 1740  
 cagctctttg gagaatcaat gtatgaatgt ctaacctgac cgttggacct gccatccaag 1800  
 gagacgaacc acgcccggg gtgcggaagc ggcct

15

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 2:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 581 Basenpaare

20

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

### (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung

25

hergestellte partielle cDNAs

### (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

### (iii) ANTI-SENSE: NEIN

30

### (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN: Endothelzelle

35

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 2:

5 gttctagatt gttttattca gtaattagct cttaagaccc ctggggcctg tgctacccag 60  
 acactaacia cagtcctctat ccagttgctg gttctgggtg acgtgatctc cccatcatga 120  
 tcaacttact tcctgtggcc cattagggaa gtgggtgacct cgggagctat ttgcctgttg 180  
 agtgcacaca cctggaaaca tactgctctc attttttcat ccacatcagt gagaaatgag 240  
~~tggeccgtta gcaagatata actatgcaat catgcaacaa agctgcctaa taacatttca 300~~  
 10 tttattacag gactaaaagt tcattattgt ttgtaaagga tgaattcata acctctgcag 360  
 agttatagtt catacacagt tgatttccat ttataaaggc agaaagtcct tgttttctct 420  
 aaatgtcaag ctttgactga aaactcccgt ttttccagtc actggagtgt gtgcgtatga 480  
 aagaaaatct ttagcaatta gatgggagag aagggaata gtacttgaaa tgtaggcct 540  
 cacctcccca tgacatcctc catgagcctc ctgatgtagt g

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 3:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 516 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN: Endothelzelle

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 3:

5 tagagatggt ggttgatgac ccccgggatc tggagcagat gaatgaagag tctctggaag 60  
 tcagcccaga catgtgcatc tacatcacag aggacatgct catgtcgcgg aacctgaatg 120  
~~gacactctgg gttgattgtg aaagaaattg ggtcttccac ctgagctct tcagaaacag 180~~  
 ttgttaagct tctgtggccag agtactgatt ctcttccaca gactatatgt cggaaaccaa 240  
 agacctccac tgatcgacac agcttgagcc tcgatgacat cagactttac cagaaagact 300  
 10 tcttgcgcat tgcaggctctg tgtcaggaca ctgctcagag ttacaccttt ggatgtggcc 360  
 atgaactgga tgaggaaggc ctctattgca acagttgctt ggcccagcag tgcataca 420  
 tccaagatgc ttttccagtc aaaagaacca gcaaatactt ttctctggat ctcaactcatg 480  
 atgaagttcc agagtgtgtt gtgtaaagtc cgtctg

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 4:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1099 Basenpaare

20 (B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 25 hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

30

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN: Endothelzelle

35

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 4:

5

```

cccacaacac agggggccctg aaacacgcca gcctctcctc tgtggtcagc ttggcccagt 60
cctgctcact ggatcacagc ccattgtagg tggggcatgg tggggatcag ggcccctggc 120
ccacggggag gtagaagaag acctggtccg tgtaagggtc tgagaagggt ccctgggtcg 180
ggggtgcgtc ttggccttgc cgtgcctca tccccggct gaggcagcga cacagcaggt 240
10 gcaccaactc cagcagggtta agcaccaggg agatgagtcc aaccaccaac atgaagatga 300
tgaagatggg cttctccgtg gggcgagaga caaagcagtc cacgaggtag gggcagggtg 360
ctcgtggca cacaacacg ggctccatgg tccagccgta caggcgccac tggccataga 420
ggaagcctgc ctctagcaca ctcttgacga gcacactggc gacatagggtg cccatcagtg 480
ctccgcggat gcgcaggcga ccattctctg ccaccgagat cttggccatc tgacgctcta 540
15 cggccgcccag cgcccgctcc acctgtgggt ccttggccgg cagtggccgc agctccccct 600
ccttctgcgc cagccgctct tctgcgcgag acaggtaaat gacatggccc aggtagacca 660
gggtgggtgt gctgacgaag aggaactgca gcacccagta gcggatgtgg gagatgggga 720
aggcctggtc atagcagacg ttgggtgcagc ctggctgggc cgtgttacac tcgaaatctg 780
actgctcgtc accccacact gactcgccgg ccaggcccag gatgaggatg cggaagatga 840
20 agagcaccgt cagccagatc ttaccacca cggtcgagtg ctctggacc tgggccagca 900
acttctccac gaagccccag tcacccatgg ctcccgggcc tccgtcggca aggagacaga 960
gcacgtcagt gtgtcagcat ggcattcttc tcgttcgccc agcaacaagc ctgcagggag 1020
gtctgccacg cccgttctac cgctgcctg ccgggcggcc cagggtggagg tggggacgat 1080
ggccggagtg acgcccgcg

```

25

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 5:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1015 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

40 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN: Endothelzelle

## 5 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 5:

10

gaggataggg agcctgggggt caggagtgtg ggagacacag cgagactctg tctccaaaaa 60  
 aaaaagtgtt ttttgaaaat gttgaggttg aaatgatggg aaccaacatt ctttggtatt 120  
 agtggggagc ataatagcaa acacccccctt ggttcgcaca tgtacaggaa tgggacccag 180  
 15 ttggggcaca gccatggact tccccgccct ggaatgtgtg gtgcaaagtg gggccagggc 240  
 ccagacccaa gaggagaggg tgggtccgcag acaccccggt atgtcagcat ccccgacct 300  
 gccttctggc ggcacctccc ggggtgctgtg ttgagtcagc aggcattggg tgagagcctg 360  
 gtatatgtct ggaacagggg gcagggggcca agcgttcctc cttcagcctt gacttggggc 420  
 atgcaccccc tctcccccaa acacaaacaa gcacttctcc agtatgggtg caggacaggt 480  
 20 gtcccttcag tctctgtgtt atgacctcaa gtccacttg ggccctgcag cccagcctgt 540  
 gttgtaacct ctgcgtcctc aagaccacac ctggaagatt cttcttcctt ttgaaggaga 600  
 atcatcattg ttgctttatc acttctaaga cattttgtac ggcacggaca agttaaacag 660  
 aatgtgtctt cctccctggg gtctcacacg ctcccacgag aatgccacag gggccgtgca 720  
 ctgggcaggc ttctctgtag aaccccaggg gcttcggccc agaccacagc gtcttgccct 780  
 25 gagcctagag caggaggtcc cgaacttctg cattcacaga ccacctccac aattgttata 840  
 accaaaggcc tctgttctg ttatttctact taaatcaaca tgctattttg ttttctactca 900  
 cttctgactt tagcctcgtg ctgagccgtg tatccatgca gtcattgttca cgtgctagtt 960  
 acgtttttct tcttacacat gaaaataaat gcataagtgt tagaagaaaa aaaaa

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 6:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2313 Basenpaare

35

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

## (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung

40

hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN: Endothelzelle

10

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 6:

15

ccagagcagg cctggtggtg agcagggacg gtgcaccgga cggcgggacg gagcaaatgg 60  
 gtctggccat ggagcacgga gggtcctacg ctcgggcggg gggcagctct cggggctgct 120  
 ggtattacct gcgctacttc ttctctctcg tctccctcat ccaattcctc atcatcctgg 180  
 20 ggctcgtgct cttcatggtc tatggcaacg tgcacgtgag cacagagtc aacctgcagg 240  
 ccaccgagcg ccgagccgag ggcctataca gtcagctcct agggctcacg gcctcccagt 300  
 ccaacttgac caaggagctc aacttcacca cccgcgcca ggaatgccatc atgcagatgt 360  
 ggctgaatgc tcgccgcgac ctggaccgca tcaatgccag cttccgccag tgccagggtg 420  
 accgggtcat ctacacgaac aatcagaggt acatggctgc catcatcttg agtgagaagc 480  
 25 aatgcagaga tcaattcaag gacatgaaca agagctgcga tgccttgctc ttcattgctga 540  
 atcagaaggt gaagacgctg gaggtggaga tagccaagga gaagaccatt tgcactaagg 600  
 ataaggaaag cgtgctgctg aacaaacgcg tggcggagga acagctgggtt gaatgcgtga 660  
 aaaccgggga gctgcagcac caagagcgcc actggccaag gagcaactgc aaaaggtgca 720  
 agccctctgc ctgcccctgg acaaggacaa gtttgagatg gaccttcgta acctgtggag 780  
 30 ggactccatt atcccacgca gcctggacaa cctgggttac aacctctacc atcccctggg 840  
 ctcggaattg gcctccatcc gcagagcctg cgaccacatg cccagcctca tgagctccaa 900  
 ggtggaggag ctggcccgga gcctccgggc ggatatcgaa cgcgtggccc gcgagaactc 960  
 agacctcaa cgccagaagc tggaaagcca gcagggcctg cgggccagtc aggaggcgaa 1020  
 acagaaggtg gagaaggagg ctcaggcccg ggaggccaag ctccaagctg aatgctcccg 1080  
 35 gcagaccag ctacgctgg aggagaaggc ggtgctgcgg aaggaacgag acaacctggc 1140  
 caaggagctg gaagagaaga agagggaggc ggagcagctc aggatggagc tggccatcag 1200  
 aaactcagcc ctggacacct gcatcaagac caagtcgcag ccgatgatgc cagtgtcaag 1260  
 gcccatgggc cctgtcccca acccccagcc catcgaccca gctagcctgg aggagttcaa 1320  
 gaggaagatc ctggagtccc agaggcccc tgcaggcatc cctgtagccc catccagtgg 1380  
 40 ctgaggaggc tccaggcctg aggaccaagg gatggcccga ctcggcgggtt tgcggaggat 1440  
 gcagggatat gctcacagcg cccgacacaa cccctcccg ccgcccccaa ccaccaggg 1500  
 ccaccatcag acaactccct gcatgcaaac ccctagtacc ctctcacacc cgcaccgcg 1560  
 cctcacgac cctcacccag agcacacggc cgcggagatg acgtcacgca agcaacggcg 1620  
 ctgacgtcac atatcaccgt ggtgatggcg tcacgtggcc atgtagacgt cacgaagaga 1680  
 45 tatagcgatg gcgtcgtgca gatgcagcac gtcgcacaca gacatgggga acttggcatg 1740

acgtcacacc gagatgcagc aacgacgtca cgggccatgt cgacgtcaca catattaatg 1800  
 tcacacagac gcggcgatgg catcacacag acggtgatga tgtcacacac agacacagtg 1860  
 acaacacaca ccatgacaac gacacctata gatatggcac caacatcaca tgcacgcatg 1920  
 ccctttcaca cacactttct acccaattct cacctagtgt cacgttcccc cgaccctggc 1980  
 5 acacgggccca aggtacccac aggatcccat cccctcccgc acagccctgg gccccagcac 2040  
 ctccccctct ccagcttcct ggccctcccag ccacttcctc acccccagtg cctggaccgc 2100  
 gaggtgagaa caggaagcca ttcacctccg ctcccttgagc gtgagtgttt ccaggacccc 2160  
 ctcgggggccc tgagccgggg gtgaggggtca cctgttgtag ggagggggag cactccttct 2220  
 cccccaactc ccagccctgc ctgtggcccc ttgaaatggt ggtggcactt aataaatatt 2280  
 10 agtaaatcct taaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaa

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 7:

### 15 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 389 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

25

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

(C) ORGAN: Endothelzelle

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 7:



```

      gccaaaaaga tggcttcaaa agtaagaatg aaacatttga tccattcagc tttaggctat 60
      gccactggat tcatgtctag aaaagatagg ataatttctg taaagaaatg aagaccttgc 120
      tatttctaaaa tcagatcctt acagatccag atttcaggaa acaaatacat aggggactaa 180
5      ctttccttgt tcagattagt ttttctcctt tgcacccagc tatataatat gaggaagtat 240
      tgacttttta aaagtgtttt agttttccat ttctttgata tgaaaagtaa tatttcggga 300
      gaaccctgag ctattaataa tctatgtggc tagtgcgat atattggtct gaatttgttc 360
      tccttttgtg gtgtccagtg ggtaacatc

```

10

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 8:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 157 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNAs

20

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN: Endothelzelle

30

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 8:

35

tgctttaaac agctgtgtca aaaactgaca tcagagagta aattgaattt ggttttgtag 60  
gaagcaggaa gcaagcccac tcaaactgtga aatttgatcc gagggatcca gtaactttct 120  
cctcaatctg tgaactatat gtgagtttga tatttttg

5

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 9:

---

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 10 (A) LÄNGE: 561 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

- 15 (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNAs

### (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- 20 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN: Endothelzelle

25

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

- 30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 9:

aatagtcaaa acataaacia aagctaatta actggcactg ttgtcacctg agactaagtg 60  
gatgttggtg gctgacatac aggctcagcc agcagagaaa gaattctgaa ttccccttgc 120  
35 tgaactgaac tattctgtta catatgggtg acaaactctgt gtgttatttc ttttctacct 180

accatatttta aatttatgag tatcaaccga ggacatagtc aaaccttcga tgatgaacat 240  
 tcctgatttt ttgcctgatt aatctctgtt gagctctact tgtggtcatt caagatttta 300  
 tgatgttgaa aggaaaagtg aatatgacct ttaaaaattg tattttgggt gatgatagtc 360  
 tcaccactat aaaactgtca attattgcct aatgttaaag atatccatca ttgtgattaa 420  
 5 ttaaacctat aatgagtatt cttaatggag aattcttaat ggatggatta tcccctgac 480  
 ttttctttta aatttctctg cacacacagg acttctcatt ttccaataaa tgggtgtact 540  
 ctgccccaat ttctaggaaa a

10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 10:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1508 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

20

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN: Endothelzelle

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

30

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 10:

35

cacaaacacg agagactcca cggctctgcct gagcaccgcc agcctcctag gctccagcac 60

|    |             |             |             |            |             |             |      |
|----|-------------|-------------|-------------|------------|-------------|-------------|------|
|    | tcgcagggtcc | attctttctgc | acgagcctct  | ctgtccagat | ccataagcac  | ggtcagctca  | 120  |
|    | gggtcgcgga  | gcagtacgag  | gacaagtacc  | agcagcagct | cctctgaaca  | gagactgcta  | 180  |
|    | ggatcatcct  | tctcctccgg  | gcctgttgct  | gatggcataa | tccgggtgca  | acccaaatct  | 240  |
|    | gagctcaagc  | caggtgagct  | taagccactg  | agcaaggaag | atttgggcct  | gcacgcctac  | 300  |
| 5  | aggtgtgagg  | actgtggcaa  | gtgcaaatgt  | aaggagtgc  | cctacccaag  | gcctctgcca  | 360  |
|    | tcagactgga  | tctgcgacaa  | gcagtgcctt  | tgctcggccc | agaacgtgat  | tgactatggg  | 420  |
|    | acttggtgat  | gctgtgtgaa  | aggtctcttc  | tatcactgtt | ctaatagatga | tgaggacaac  | 480  |
|    | tgtgctgaca  | acccatgttc  | ttgcagccag  | tctcactgtt | gtacacgatg  | gtcagccatg  | 540  |
|    | gggtgcatgt  | ccctcttttt  | gccttggtta  | tggtgttacc | ttccagccaa  | gggttgccct  | 600  |
| 10 | aaattgtgcc  | aggggtgtta  | tgaccqggtt  | aacaggcctg | gttgccqctg  | taaaaactca  | 660  |
|    | aacacagttt  | gctgcaaagt  | tcccactgtc  | ccccctagga | actttgaaaa  | accaacatag  | 720  |
|    | catcattaat  | caggaatatt  | acagtaatga  | ggattttttc | tttctttttt  | taatacacat  | 780  |
|    | atgcaaccaa  | ctaaacagtt  | ataatcttgg  | cactgttaat | agaaagttgg  | gatagtcttt  | 840  |
|    | gctgttttgcg | gtgaaatgct  | ttttgtccat  | gtgccgtttt | aactgatatg  | cttggttagaa | 900  |
| 15 | ctcagctaata | ggagctcaaa  | gtatgagata  | cagaacttgg | tgacccatgt  | attgcataag  | 960  |
|    | ctaaagcaac  | acagacactc  | ctaggcaaaag | tttttgtttg | tgaatagtac  | ttgcaaaaact | 1020 |
|    | tgtaaattag  | cagatgactt  | ttttccattg  | ttttctccag | agagaatgtg  | ctatatTTTT  | 1080 |
|    | gtatatacaa  | taataatttgc | aactgtgaaa  | aacaagtggg | gccatactac  | atggcacaga  | 1140 |
|    | cacaaaatat  | tatactaata  | tgttgtagat  | tcggaagaat | gtgaatcaat  | cagtatgttt  | 1200 |
|    | ttagattgta  | ttttgcctta  | cagaaagcct  | ttattgtaag | actctgattt  | ccctttggac  | 1260 |
|    | ttcatgtata  | ttgtacagtt  | acagtataat  | tcaaccttta | ttttctaatt  | ttttcaacat  | 1320 |
|    | attgttttagt | gtaaagaata  | tttatttgaa  | gttttattat | tttataaaaa  | agaatatTTA  | 1380 |
|    | ttttaagagg  | catcttacaa  | atTTTgcccc  | ttttatgagg | atgtgatagt  | tgctgcaaat  | 1440 |
| 25 | gaggggttac  | agatgcatat  | gtccaatata  | aaatagaaaa | tatattaacg  | tttgaaatta  | 1500 |
|    | aaaaaaaa    |             |             |            |             |             |      |

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 11:

### 30 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 389 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

40

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN: Endothelzelle

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 11:

10    gggcaggtga tcagggcaca catttcccgt ccattgagac agtagcattc ccggcaccca 60  
       tcgtgccagc tctcctcatt tttatgatga tgaccatcca cggtagagaca agtgcccgcac 120  
       aggatgggtg gccagctga agcacaggcc gctctgcact tgcagataag acagccgtga 180  
       ctgtcctgct ggaaacccaa ggggcagatc ttactgcatg agagctctgg acattttctta 240  
       cagcgacaga tgtcacagcc gtgcttattc ttcagcaatc caagtggaca atacttgtca 300  
       cagattatgg gtctgcactt cttgggcctt gggcggcact cacagatctc acagttttgg 360  
       acctcggccg cgaccacgct gggtaccga

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 12:

20

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 981 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNAs

30    (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

35

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN: Endothelzelle

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 12:

```

10  tttttttttt ttggattgca aaaattttatt aaaattggag acactgtttt aatcttcttg 60
    tgccatgaga ctccatcagg cagtctacaa agaccactgg gaggtgagg atcacttgag 120
    cccagaagtt tgaggctgta gtaagcttca aaggccactg cactctagct tgggtgaggc 180
    aagacccttt caagcagtaa gctgcatgct tgcttggtgt ggtcattaaa aaccctagtt 240
    taggataaca acatattaat cagggcaaaa taaaaatgtg tgatgcttgt tagtagagta 300
    acctcagaat caaaatggaa cggttttaca gtgatatcat tatatttcat ttggcagaat 360
    cattacatca ttggttacac tgaaaatcat cacatgtacc aaaagctgac tcacctagtt 420
    taggataaca ggtctgcctg tttgaagatg aaaaataata cccattttaa atttgcccta 480
    ctcaatttcc ttctcagtca cattttaact tttaaacagc taatcactcc catctacaga 540
    ttaagggtga tatgccacca aaaccttttg ccaccttaaa aatttccttc aaagttttaa 600
    ctaatgcctg catttcttca atcatgaatt ctgagtcctt tgcttcttta aaacttgctc 660
20  cacacagtgt agtcaagccg actctccata cccaagcaag tcatccatgg ataaaaacgt 720
    taccaggagc agaaccatta agctgggtcca ggcaagttgg actccaccat ttcaacttcc 780
    agctttctgt ctaatgcctg tgtgccaatg gcttgagtta ggcttgctct ttaggacttc 840
    agtagctatt ctcatccttc cttggggaca caactgtcca taagggtgcta tccagagcca 900
    cactgcatct gcacccagca ccatacctca caggagtcga ctcccacgag ccgcctgtat 960
25  ataagagttc ttttgatgac g

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 13:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 401 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

40

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 (C) ORGAN: Endothelzelle

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 13:

15 ataactacag cttcagcaga caactaaaga gactgcatta aggtgatttc tctggctata 60  
 aagagagccc ggccgcagag catgtgactg ctgggacctc tgggataggc aacactgccc 120  
 tctctcccc agagcgacct ccggggcagg tcggggccca aggaatgacc cagcaactgc 180  
 tccctaccca gcacactctc ttactgcca cctgcaatta tgctgtgaag atgactgggt 240  
 gtggatcatca cgattcagag aaatcaagat ctatgaccat ttaggcaaaa gagagaaact 300  
 tggagaattg ctgaggacta ctgaaccttg ttttgctttt ttaaaaaata ctaaatacctc 360  
 20 acttcagcat atttagttgt cattaaaatt aagctgatat t

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 14:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1002 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

35

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 (C) ORGAN: Endothelzelle

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 14:

|    |            |             |            |            |             |             |     |
|----|------------|-------------|------------|------------|-------------|-------------|-----|
|    | gacaatataa | aaagtggaaa  | caagcataaa | ttgcagacat | aaaataatct  | tctggtagaa  | 60  |
| 15 | acagttgtgg | agaacagggt  | gagtagagca | acaacaacaa | aagcttatgc  | agtcaccttc  | 120 |
|    | tttgaaaatg | ttaaatacaa  | gtcctattct | ctttgtccag | ctgggttttag | ctagaggttag | 180 |
|    | ccaattactt | ctcttaagggt | ccatggcatt | cgccaggatt | ctataaaagc  | caagttaact  | 240 |
|    | gaagtaaata | tctggggccc  | atcgaccccc | cactaagtac | tttgtcacca  | tggtgtatct  | 300 |
|    | taaaagtcac | ttttcactgt  | ttgactcaga | atgtgggact | tcagagtcaa  | acttcattgc  | 360 |
| 20 | ttactccaaa | cccagtttaa  | ttccccactt | ttttaagtag | gcttagcctt  | gagtgatttt  | 420 |
|    | tggctataac | cgaaatgtaa  | atccaccttc | aaacaacaaa | gtttgacaag  | actgaaatgt  | 480 |
|    | tactgaaaac | aatggtgcca  | tatgctccaa | agacatttcc | ccaagataac  | tgccaaagag  | 540 |
|    | tttttgagga | ggacaatgat  | catttattat | gtaggagcct | tgatatctct  | gcaaaataga  | 600 |
|    | attaatacag | ctcaaattga  | gtagtaacca | agcttttctg | cccaggaagt  | aacaaacatc  | 660 |
| 25 | actacgaaca | tgagagtaca  | agaggaaact | ttcataatgc | attttttcat  | tcatacattc  | 720 |
|    | attcaataaa | cattagccaa  | gctaattgtc | caagccactg | tgccagggat  | taacaatata  | 780 |
|    | acaacaataa | aagacacagt  | ccttcctctc | aaggtgttca | gtctagtagg  | gaagatgatt  | 840 |
|    | attcattaaa | atttttggtg  | catcagaatc | atgaggagct | tgtcaaaaat  | gtaaattcct  | 900 |
|    | gcctatgttc | tcagatatcc  | tggttaggtc | aggagtggga | acccaaaatc  | aattctttta  | 960 |
|    | acaaacacta | aaggtgatcc  | taacacaggc | ggtgtgagga | cc          |             |     |

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 15:

35 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 280 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

40



(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

5

~~(iii) ANTI-SENSE: NEIN~~

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10

(C) ORGAN: Endothelzelle

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 15:

20

```
cgagggtgggc caccctgtgc tggctctgaga tttttaaatg aggattacat tctcctatct 60
ataatattcc tattctaatac tattgtattc ttacaattaa atgtatcaaa taattcttaa 120
aaacattatt agaaacaaac tgcctaatac cttataagac taaaaaaatc accaagatga 180
aactgtatta tgactctcaa tatttaaaca tttaaaaaaa tgtagtggtt tgtaagcac 240
caatcttaac tatttcacct gcccgggcgg ccgctcgagg
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 16:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2041 Basenpaare

30

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNAs

35

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN: Endothelzelle

10

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 16:

15

|    |             |             |             |             |             |             |      |
|----|-------------|-------------|-------------|-------------|-------------|-------------|------|
|    | ccccccgcag  | aactcccccc  | tggaatagga  | ttttttaa    | ccttgacaat  | tagaaatcct  | 60   |
|    | atagaggtta  | gcatttttta  | ggtaaaaata  | tggttgcccc  | tacagggatc  | atgcaacttc  | 120  |
|    | cttaaaacca  | attcagcaca  | tatgtataaa  | gaaccctttt  | taaaaacatt  | tgtacttgaa  | 180  |
| 20 | atacagacac  | agtgatgctg  | aagacactaa  | acaaaaactg  | aaaagtacta  | taccttgata  | 240  |
|    | aatttttgta  | ttgccttctt  | tagagacttt  | ataatctcta  | gttgattttc  | aaggacttga  | 300  |
|    | atttaataat  | ggggtaatta  | cacaagacgt  | aaaggatttt  | ttaaaaacaa  | gtattttttt  | 360  |
|    | ttacctctag  | catcaattct  | tttataaaga  | atgctaaata  | aattacattt  | tttgttcagt  | 420  |
|    | aaaactgaag  | atagaccatt  | taaatgcttc  | taccaaattt  | aacgcagctt  | aattagggac  | 480  |
| 25 | caggtagcata | ttttcttctg  | aacatttttg  | gtcaagcatg  | tctaaccata  | aaagcaaatg  | 540  |
|    | gaattttaag  | aggtagatgt  | tttttccatg  | atgcattttg  | ttaataaatg  | tgtcaagaaa  | 600  |
|    | ataaaaacaa  | gcactgagtg  | tgttctcttg  | aagtataagg  | gtctaataag  | aaataaaaaga | 660  |
|    | tagatatattg | ttatagtctg  | acatttttaac | agtcataagta | ttagacgttt  | cgtgaccagt  | 720  |
|    | gcatttttga  | ctctctcagg  | atcaaaaatac | gagtcctgcca | actgtatttaa | atcctcctcc  | 780  |
| 30 | acccctcca   | ccagttgggtc | cacagcttcc  | tggtgggtcg  | ttgtcatcaa  | atccattggg  | 840  |
|    | ccgaaatgaa  | catgaagcag  | atgcagcttg  | gagggcccgg  | gctcgagcat  | tcaactcttg  | 900  |
|    | ttcctgtaaa  | tatagtttat  | tgtcttttgt  | tatagcatcc  | ataagttcct  | tctgtagagg  | 960  |
|    | tggggtctcca | tttatccaga  | gtccactggg  | tggtgtatta  | ccacttaaac  | cattagtact  | 1020 |
|    | atgctgtttt  | ttatacaaaa  | gcacataagc  | tgtgtccttt  | ggaaacctgc  | tcgtaatttt  | 1080 |
| 35 | ctggactgac  | tgaaatgaag  | taaatgtcac  | tctactgtca  | ttaaataaaa  | accatttctt  | 1140 |
|    | ttgacatttc  | cttattttcc  | aaatcctggt  | caaaaaactgc | actgggacta  | tctctcccta  | 1200 |
|    | gtaaatgact  | ctgggaggat  | gctaatagcca | gagcctcaga  | ctgggtggtac | atctgatatg  | 1260 |
|    | aagagtctgt  | acttgtgata  | tttctggcat  | aagaatagta  | atgccacttt  | tcagaggata  | 1320 |
|    | taccagagtg  | aaccacaacg  | gaacttaata  | gatagggcac  | caattttgtg  | caggaagcct  | 1380 |
| 40 | catcagtcct  | tgaaggcttt  | aatttttttag | caagggttctc | actaagatca  | gtgaagtcaa  | 1440 |
|    | catctacaga  | ccaactttct  | gacaatgaag  | agaaagaagt  | aattcttcta  | actggcaact  | 1500 |
|    | ccaaaaccag  | tggccagtg   | tacattgtct  | aaaattttcc  | ttctcacatg  | atacttctga  | 1560 |
|    | tcatatgaaa  | atctcaggag  | agtaagaata  | aggtattcag  | gttctctcgt  | gatttgcata  | 1620 |
|    | gttttctcag  | cattttgcag  | agaggcacag  | ttttcacaa   | aatattgggt  | atcaccagta  | 1680 |
| 45 | agaatctctg  | gagcccaaaa  | aataatttag  | taagtcagtt  | actgaagggtg | tggtttcacc  | 1740 |

tccccggtttc tgagggtacat ctttattaac aagaatcttg ttagattcgt tagggacaga 1800  
 agtggttttca gaacagtaaa actcattagg aggactgcct atgggtttttt cattcacaag 1860  
 tgagtcacag atgaaggcag ctgttggttg attataaaact actggctctt ctgaaggacc 1920  
 gggtagacagac gcttgcatga gaccaccatc ttgtatactg ggtgatgatg ctggatcttg 1980  
 5 gacagacatg ttttccaaag aagaggaagc acaaaacgca agcgaaagat ctgtaaaggc 2040  
 t

---

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 17:

10

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 235 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

20

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN: Endothelzelle

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 17:

35

cgccccgggc aggtgtcagg ggttccaaac cagcctgggg aaacacagcg tagacccttc 60  
 acctctacaa ataaaaaatt aaaaaattag ccaggtgtgg cagcgaacaa ctgtagtctc 120

agataactcag gagactgagc tggaaaggat cacttgagcc caagaagttc aaggttacag 180  
 tgggccacga tcatgtcatt acactccagc ttgggtgaca aaatgagact gtcta

5 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 18:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2732 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

10 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNAs

15

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

20 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN: Endothelzelle

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

25 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 18:

30

gtgtggagtt tcagctgcta ttgactataa gagctatgga acagaaaaag cttgctggct 60  
 tcatgttgat aactacttta tatggagctt cattggacct gttaccttca ttattctgct 120  
 aaatattatc ttcttggtga tcacattgtg caaaatgggtg aagcattcaa acactttgaa 180  
 accagattct agcaggttgg aaaacattaa gtcttgggtg cttggcgctt tcgctcttct 240  
 35 gtgtcttctt ggcctcacct ggtccttttg gttgcttttt attaatgagg agactattgt 300  
 gatggcatat ctcttcacta tattttaatgc tttccaggga gtgttcattt tcatctttca 360

|       |             |             |             |             |             |             |      |
|-------|-------------|-------------|-------------|-------------|-------------|-------------|------|
|       | ctgtgctctc  | caaaagaaag  | tacgaaaaga  | atatggcaag  | tgcttcagac  | actcatactg  | 420  |
|       | ctgtggaggc  | ctcccaactg  | agagtcacca  | cagttcagtg  | aaggcatcaa  | ccaccagaac  | 480  |
|       | cagtgtctcg  | tattcctctg  | gcacacagag  | tcgtataaga  | agaatgtgga  | atgatactgt  | 540  |
|       | gagaaaacaa  | tcagaatctt  | cttttatctc  | aggtgacatc  | aatagcactt  | caacacttaa  | 600  |
| 5     | tcaaggtggc  | ataaatctta  | atatattatt  | acaggactga  | catcacatgg  | tctgagagcc  | 660  |
|       | catcttcaag  | atttatatca  | tttagaggac  | attcactgaa  | caatgccagg  | gatacaagtg  | 720  |
|       | ccatggatac  | tctaccgcta  | aatggtaatt  | ttaacaacag  | ctactcgctg  | cacaaggggtg | 780  |
|       | actataatga  | cagcgtgcaa  | gttgtggact  | gtggactaag  | tctgaatgat  | actgcttttg  | 840  |
|       | agaaaaatgat | catttcagaa  | ttagtgcaca  | acaacttacg  | gggcagcagc  | aagactcaca  | 900  |
| 10    | acctcgagct  | cacgctacca  | gtcaaacctg  | tgattggagg  | tagcagcagt  | gaagatgatg  | 960  |
| <hr/> |             |             |             |             |             |             |      |
|       | ctattgtggc  | agatgcttca  | tctttaatgc  | acagcgacaa  | cccagggctg  | gagctccatc  | 1020 |
|       | acaaagaact  | cgaggcacca  | cttattcctc  | agcggactca  | ctcccttctg  | taccaacccc  | 1080 |
|       | agaagaaagt  | gaagtccgag  | ggaactgaca  | gctatgtctc  | ccaactgaca  | gcagaggctg  | 1140 |
|       | aagatcacct  | acagtccccc  | aacagagact  | ctctttatac  | aagcatgccc  | aatcttagag  | 1200 |
| 15    | actctcccta  | tccggagagc  | agccctgaca  | tggaagaaga  | cctctctccc  | tccaggagga  | 1260 |
|       | gtgagaatga  | ggacatttac  | tataaaagca  | tgccaaatct  | tgagagctggc | catcagcttc  | 1320 |
|       | agatgtgcta  | ccagatcagc  | aggggcaata  | gtgatgggta  | tataatcccc  | attaacaaag  | 1380 |
|       | aaggggtgat  | tccagaagga  | gatgttagag  | aaggacaaat  | gcagctgggt  | acaagtcttt  | 1440 |
|       | aatcatacag  | ctaaggaatt  | ccaagggcca  | catgcgagta  | ttaataaata  | aagacaccat  | 1500 |
|       | tggcctgacg  | cagctccctc  | aaactctgct  | tgaagagatg  | actcttgacc  | tgtgggttctc | 1560 |
|       | tggtgtaaaa  | aagatgactg  | aaccttgacg  | ttctgtgaat  | ttttataaaa  | catacaaaaa  | 1620 |
|       | ctttgtatat  | acacagagta  | tactaaagtg  | aattattttgt | tacaaagaaa  | agagatgccca | 1680 |
|       | gccagggtatt | ttaagattct  | gctgctgttt  | agagaaattg  | tgaaacaagc  | aaaacaaaac  | 1740 |
| 25    | tttccagcca  | ttttactgca  | gcagtcctgtg | aactaaattt  | gtaaatatgg  | ctgcaccatt  | 1800 |
|       | tttgtaggcc  | tgcattgtat  | tatatacaag  | acgtaggctt  | taaaatcctg  | tgggacaaat  | 1860 |
|       | ttactgtacc  | ttactattcc  | tgacaagact  | tggaaaagca  | ggagagatat  | tctgcatcag  | 1920 |
|       | tttgagttc   | actgcaaata  | ttttacatta  | aggcaaagat  | tgaaaacatg  | cttaaccact  | 1980 |
|       | agcaatcaag  | ccacaggcct  | tatttcatat  | gtttcctcaa  | ctgtacaatg  | aactatttctc | 2040 |
|       | atgaaaaatg  | gctaaagaaa  | ttatatatttg | ttctattgct  | agggtaaaaat | aaatacattt  | 2100 |
| 30    | gtgtccaact  | gaaatataat  | tgtcattata  | ataatttttaa | agagtgaaga  | aaatattgtg  | 2160 |
|       | aaaagctctt  | ggttgacat   | gttatgaaat  | gttttttctt  | acactttgtc  | atggtaagtt  | 2220 |
|       | ctaactat    | tcacttcttt  | tccactgtat  | acagtgttct  | gctttgacaa  | agttagtctt  | 2280 |
|       | tattactttac | attttaaattt | cttattgcca  | aaagaacgtg  | ttttatgggg  | agaaacaaac  | 2340 |
|       | tctttgaagc  | cagttatgtc  | atgccttgca  | caaaagtgat  | gaaatctaga  | aaagattgtg  | 2400 |
| 35    | tgtcaccct   | gtttattctt  | gaacagaggg  | caaagagggc  | actgggcact  | tctcacaac   | 2460 |
|       | tttctagtga  | acaaaaggtg  | cctattcttt  | tttaaaaaaa  | taaaataaaa  | cataaatatt  | 2520 |
|       | actcttccat  | attccttctg  | cctatattta  | gtaattaatt  | tattttatga  | taaagttcta  | 2580 |
|       | atgaaatgta  | aattgtttca  | gcaaaattct  | gctttttttt  | catccctttg  | tgtaaacctg  | 2640 |
|       | ttaataatga  | gcccatcact  | aatatccagt  | gtaaagttta  | acacgggtttg | acagtaaata  | 2700 |
|       | aatgtgaatt  | ttttcaagtt  | aaaaaaaaaa  | aa          |             |             |      |

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 19:

45

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 276 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

5

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

---

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10

(C) ORGAN: Endothelzelle

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 19:

20

```
ctccctaaat gatttttaaaa taaattggat aaacatatga tataaagtgg gtactttaga 60
aaccgccttt gcatattttt tatgtacaaa tctttgtata caattccgat gttccttata 120
tattccctat atagcaaacc aaaaccagga cctcccaact gcatgcctca agtccctgtg 180
gagcactctg gcaactggat ggccctactt gctttctgac aaaatagctg gaaaggagga 240
gggaccaatt aaatacctcg gccgcgacca cgctgg
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 20:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2361 Basenpaare

30

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNAs

35

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN: Endothelzelle

10

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 20:

15

|    |             |            |             |            |             |             |      |
|----|-------------|------------|-------------|------------|-------------|-------------|------|
|    | attgtaccag  | ccttgatgaa | cgtgggcctt  | gcttcgcttt | tgagggccat  | aagctcattg  | 60   |
|    | cccactggtt  | tagaggctac | cttatcattg  | tctcccgtga | ccggaagggt  | tctcccaagt  | 120  |
|    | cagagtttac  | cagcagggat | tcacagagct  | ccgacaagca | gattctaaac  | atctatgacc  | 180  |
| 20 | tgtgcaacaa  | gttcatagcc | tatagcaccg  | tctttgagga | tgtagtggat  | gtgcttgctg  | 240  |
|    | agtggggctc  | cctgtacgtg | ctgacgcggg  | atgggcgggt | ccacgcactg  | caggagaagg  | 300  |
|    | acacacagac  | caaactggag | atgctgttta  | agaagaacct | at ttgagatg | gcgattaacc  | 360  |
|    | ttgccaagag  | ccagcatctg | gacagtgatg  | ggctggccca | gattttcatg  | cagtatggag  | 420  |
|    | accatctcta  | cagcaagggc | aaccacgatg  | gggctgtcca | gcaatatatc  | cgaaccattg  | 480  |
| 25 | gaaagttgga  | gccatcctac | gtgatccgca  | agtttctgga | tgcccagcgc  | attcacaacc  | 540  |
|    | tgactgccta  | cctgcagacc | ctgcaccgac  | aatccctggc | caatgccgac  | cataccaccc  | 600  |
|    | tgctcctcaa  | ctgctatacc | aagctcaagg  | acagctcgaa | gctggaggag  | ttcatcaaga  | 660  |
|    | aaaagagtga  | gagtgaagtc | cactttgatg  | tggagacagc | catcaagggt  | ctccggcagg  | 720  |
|    | ctggctacta  | ctcccatgcc | ctgtatctgg  | cggagaacca | tgcacatcat  | gagtgggtacc | 780  |
| 30 | tgaagatcca  | gctagaagac | attaagaatt  | atcaggaagc | ccttcgatac  | atcggcaagc  | 840  |
|    | tgccttttga  | gcaggcagag | agcaacatga  | agcgtacgg  | caagatcctc  | atgcaccaca  | 900  |
|    | taccagagca  | gacaactcag | ttgctgaagg  | gactttgtac | tgattatcgg  | cccagcctcg  | 960  |
|    | aaggccgcag  | cgatagggag | gccccaggct  | gcagggccaa | ctctgaggag  | ttcatcccca  | 1020 |
|    | tctttgccaa  | taaccgcgca | gagctgaaag  | ccttcctaga | gcacatgagt  | gaagtgcagc  | 1080 |
| 35 | cagactcacc  | ccaggggatc | tacgacacac  | tccttgagct | gcgactgcag  | aactggggccc | 1140 |
|    | acgagaagga  | tccacaggtc | aaagagaagc  | ttcacgcaga | ggccatttcc  | ctgctgaaga  | 1200 |
|    | gtggctcgctt | ctgcgacgtc | tttgacaagg  | ccctggctct | gtgccagatg  | cacgacttcc  | 1260 |
|    | aggatgggtg  | cctttacctt | tatgagcagg  | ggaagctgtt | ccagcagatc  | atgcactacc  | 1320 |
|    | acatgcagca  | cgagcagtag | cggcagggtca | tcagcgtgtg | tgagcgccat  | ggggagcagg  | 1380 |
| 40 | accctcctt   | gtgggagcag | gccctcagct  | acttcgctcg | caaggaggag  | gactgcaagg  | 1440 |
|    | agtatgtggc  | agctgtcctc | aagcatatcg  | agaacaagaa | cctcatgcca  | cctcttctag  | 1500 |
|    | tggtgcagac  | cctggcccac | aactccacag  | ccacactctc | cgatcatcagg | gactacctgg  | 1560 |
|    | tccaaaaact  | acagaaacag | agccagcaga  | ttgcacagga | tgagctgcgg  | gtgcggcggt  | 1620 |
|    | accgagagga  | gaccacccgt | atccgccagg  | agatccaaga | gctcaaggcc  | agtcctaaga  | 1680 |
| 45 | ttttccaaaa  | gaccaagtgc | agcatctgta  | acagtgcctt | ggagttgccc  | tcagtccact  | 1740 |

```

tccctgtgtgg ccactccttc caccaacact gctttgagag ttactcggaa agtgatgctg 1800
actgccccac ctgcctccct gaaaaccgga aggtcatgga tatgatccgg gccaggaac 1860
agaaacgaga tctccatgat caattccagc atcagctcaa gtgctccaat gacagctttt 1920
ctgtgattgc tgactacttt ggcagagggtg ttttcaacaa attgactctg ctgaccgacc 1980
5 ctcccacagc cagactgacc tccagcctgg aggctgggct gcaacgcgac ctactcatgc 2040
actccaggag gggcacttaa gcagcctgga ggaagatgtg ggcaacagtg gaggaccaag 2100
agaacagaca caatgggacc tgggcgggcg ttacacagaa ggctggctga catgccagg 2160
gctccactct catctaattgt cacagccctc acaagactaa agcggaactt tttcttttcc 2220
ctggccttcc ttaattttta gtcaagcttg gcaatccctt cctctttaac taggcagggtg 2280
10 ttagaatcat ttccagatta atggggggga agggqaacct caqgcaaacc tcctgaaqtt 2340
ttggaaaaaa aagctggttt c

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 21:

15

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 179 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

20

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

25

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

30

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN: Endothelzelle

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 21:



aggtgttaga tgctcttgaa aaagaaactg catctaagct gtcagaaatg gattctttta 60  
 acaatcaact aaaggaactg agagaaacct acaacacaca gcagtttagcc cttgaacagc 120  
 5 tttataagat caacgtgaca agttgaagga aattgaaagg aaaaaattag aactaatgc

---

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 22:

10 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 905 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

20

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN: Endothelzelle

25

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 22:

tttttttttt ttctttaacc gtgtggtctt tatttcagtg ccagtggttac agatacaaca 60

```

    caaatgttcc agttagaagg aattcaaacg gaatgccaag gtccaagcca ggctcaagaa 120
    ataaaaaggg aggtttggag taatagataa gatgactcca atactcactc ttcctaaggg 180
    caaaggtact tttgatacag agtctgatct ttgaaactgg tgaactcctc ttccacccat 240
    taccatagtt caaacaggca agttatgggc ttaggagcac tttaaaatth gtggtgggaa 300
5   tagggtcatt aataactatg aatataatct ttagaagggt accatthtgc actthaaagg 360
    gaatcaatth tgaaaatcat ggagactatt catgactaca gctaaagaat ggcgagaaag 420
    gggagctgga agagccttgg aagthtctat taaaaataga gcacatath cttcatgcca 480
    aatctcaaca aaagctctth ttaactccat ctgtccagtg thttacaaata aactcgcaag 540
    gtctgaccag thcttggtaa caaacataca tgtgtgtgtc tgtgtgtata cagcaatgca 600
10  cagaaaaggg taccaggagc ctaatgcctc thttcaaacat tgggggaacc agtagaaaaa 660
    ggcagggtct cctaattgtc attattacat thccattccg aatgccagat gthaaaagtg 720
    cctgaagatg gtaacccagc tagtgaggaa taaatacccc accttgcca gthcacagag 780
    aaacaacagt agaaagaagg ggcaactctt tgctgcagag acaaagtgag tgtththtctg 840
    ccatggattg cagtcctctc ctccagacca gctgcttatt tcttcagggg cccagggaat 900
15  gttga

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 23:

20

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 213 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNAs

30

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(C) ORGAN: Endothelzelle

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 23:

```

5  ggtctcttct ttcctttttt tttttccaaa agtggttcttt tatttctagt aacatatatt 60
   gtataaatac tctattttat atgcacttcc acaaaagcga tataatttaa aagttttttt 120
   cattagaaat aaatgtataa aaataaatat gttattatag gcattttatta ctaactatag 180
   tccttcttgg aaggaacacc caaaccaata cttataaagt acatgtaatt tatagtaaca 240
   tattttacta tatacatatg gaaaaaatca tattctcaca gaagagctga acagacattc 300
10 accaggatac gactgttgga ccagctgctg gagatggacc tgctaccctt cagcagcctc 360
   cccaccacaa gacaagtgat ctcaatgtcc ccaaacctgt gggaccctgt tctacacacc 420
   tcatttttgt tccggcggtt catcctcctt gtgtgattgt actgattttc atgagacaca 480
   agttacttct ttacatccat attcccaaag cagggttaca tggtaggaaa gaaaggaagt 540
   tggagggtact aagctcattg tgtctcctct agctttttacc agcatcctaat gcttcactgc 600
   tttttttcca ttgtagactt taatgcactt gaataaatac atggagttgt tttttcctca 660
   aaatgaatta cacaaataaa gactgagatg gtccaaaaaa ggaaagagga agccatttgc 720
   gttatttcac gttgctgagc ctttctctca tgttgaacaa tctgaagttt taattctcgg 780
   tagaaataat gtataaacat tctctgaaac catagcagcc ataaacagtg ctggtcaaag 840
   atcctatttg tactcctttc tccccccatt gttagtggag taaagtaaaa cagggtcttag 900
20  taaaatctca cttttctcct acttttcatt tcccaacccc catgatacta agtatttgat 960
   aagtaccagg aaacaggggt tgtaatatgt ctaacttttt ttgacaattg ctttgttttt 1020
   tctaaacttg taatagatgt aacaaaagaa ataataataa taatgcccgg ggctttatta 1080
   tgctatatca ctgctcagag gttaataatc ctactaact atcctatcaa atttgcaact 1140
   ggcagtttac tctgatgatt caactccttt tctatctacc ccataaatcc caccttactg 1200
25  atacacctca ctggttactg gcaagatacg ctggatccct ccagccttct tgctttccct 1260
   gcaccagccc ttctcactt tgccttgccc tcaaagctaa caccacttaa accacttaac 1320
   tgcattctgc cattgtgcaa aagtctatga aatgttttagg tttcttttaa ggatcacagc 1380
   tctcatgaga taacaccctt ccatcatggg acagacactt caagcttctt tttttgtaac 1440
   ccttcccaca ggtcttagaa catgatgacc actccccag ctgccactgg gggcagggat 1500
30  ggtctgcaca aggtctggtg ctggttggtt tcacttcctt tgcacactcg gaagcaggct 1560
   gtccattaat gtctcggcat tctaccagtc ttctctgcca acccaattca catgacttag 1620
   aacattcgcc ccaactctca atgacccatg ctgaaaaagt ggggatagca ttgaaagatt 1680
   ccttcttctt ctttacgaag taggtgtatt taatttttagg tcgaagggca ttgccacag 1740
   taagaacctg gatggtcaag ggctctttga gagggctaaa gctgcgaatt ctttccaatg 1800
35  ccgcagagga gccgctgtac ctcaagacaa cacctttgta cataatgtct tgctctaagg 1860
   tggacaaagt gtagtcacca ttaagaatat atgtgccatc agcagctttg atggcaagaa 1920
   agctgccatt gttcctggat cccctctggt tccgctgttt cacttcgatg ttggtggctc 1980
   cagttggaat tgtgatgata tcatgatatc caggttttgc actagtaact gatcctgata 2040
   tttttttaca agtagatcca tttccccgc aaacaccaca tttatcaaac ttctttttgg 2100
40  agtctatgat gcgatcacia ccagctttta caca

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 24:

45

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1626 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNAs

5

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

10

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN: Endothelzelle

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

15

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 24:

20

ggacaatttc tagaatctat agtagtatca ggatatatatt tgcttttaaaa tatatttttgg 60  
ttatttttgaa tacagacatt ggctccaaat tttcatcttt gcacaatagt atgacttttc 120  
actagaactt ctcaacattt gggaactttg caaatatgag catcatatgt gttaaggctg 180  
tatcatttaa tgctatgaga tacattgttt tctccctatg ccaaacaggt gaacaaacgt 240  
agttgttttt tactgatact aaatgtttggc tacctgtgat tttatagtat gcacatgtca 300  
gaaaaaggca agacaaatgg cctcttgtac tgaatacttc ggcaaaactta ttgggtcttc 360  
attttctgac agacaggatt tgactcaata tttgtagagc ttgctgtagaa tggattacat 420  
ggtagtgatg cactggtaga aatgggtttt agttattgac tcagaattca tctcaggatg 480  
aatcttttat gtctttttat tgtaagcata tctgaattta ctttataaaag atggtttttag 540  
30 aaagctttgt ctaaaaattt ggccctaggaa tggtaacttc attttccagt gccaaaggggt 600  
agaaaaataa tatgtgtgtt gttatgttta tgttaacata ttattaggta ctatctatga 660  
atgtatttaa atatttttca tattctgtga caagcattta taatttgcaa caagtggagt 720  
ccatttagcc cagtgggaaa gtcttggaac tcagggttacc cttgaaggat atgctggcag 780  
ccatctcttt gatctgtgct taaactgtaa tttatagacc agctaaatcc ctaacttgga 840  
35 tctggaatgc attagttatg ccttgtagca tttccagaat ttcaggggca tcgtgggttt 900  
ggcttagtga ttgaaaacac aagaacagag agatccagct gaaaaagagt gatcctcaat 960  
atcctaacta actgggtctc aactcaagca gagtttcttc actctggcac tgtgatcatg 1020  
aaacttagta gaggggattg tgtgtatatt atacaaattt aatacaatgt cttacattga 1080  
taaaattctt aaagagcaaa actgcatttt atttctgcat ccacattcca atcatattag 1140  
40 aactaagata tttatctatg aagatataaa tgggtgcagag agactttcat ctgtggattg 1200  
cgttgtttct tagggttcct agcactgatg cctgcacaag catgtgatat gtgaaataaa 1260  
atggattctt ctatagctaa atgagttccc tctggggaga gttctggtac tgcaatcaca 1320

```

atgccagatg gtgttttatgg gctattttgtg taagtaagtg gtaagatgct atgaagtaag 1380
tgtgttttgtt ttcattcttat ggaaactctt gatgcatgtg cttttgtatg gaataaattt 1440
tggtgcaata tgatgtcatt caactttgca ttgaattgaa ttttggttgt atttatatgt 1500
attatacctg tcacgcttct agttgcttca accattttat aaccattttt gtacatatatt 1560
5 tacttgaaaa tatttttaa atggaaatttaa ataaacattt gatagttttac ataataaaaa 1620
aaaaaa

```

---

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 25:

10

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1420 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNAs

20

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN: Endothelzelle

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

30

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 25:

35

```

gttcagcatt gtttctgctt ctgaaatctg tatagtagac tggtttgtaa tcattatgtc 60
ttcattgaaa tccttgctac ttctcttctt cctcaatgaa agacacgaga gacaagagcg 120

```

```

acacaagctt aagaaaaaacg agcaaggaag agtatcttca ttattctcat tttctctgag 180
ttggaacaaa aaacatgaag gactccaact agaagacaga tattttacatt taaatagatt 240
agtgggaaaa ctttaagagt ttccacatat tagttttcat tttttgagtc aagagactgc 300
tccttgtact gggagacact agtagtatat gtttgtaatg ttactttaaa attatctttt 360
5  tattttataa ggcccataaa tactgggttaa actctgttaa aagtgggcct tctatcttgg 420
atggtttcac tgccatcagc catgctgata tattagaaat ggcattcccta tctacttact 480
ttaatgctta aaattataca taaaatgctt tatttagaaa acctacatga tacagtgggtg 540
tcagccttgc catgtatcag ttctacttga aatttgagac caattaaatt tcaactgttt 600
aggggtggaga aagagggtact ggaaaacatg cagatgagga tatcttttat gtgcaacagt 660
10 atccttttga tgggaggaga gttactcttg aaaggeagge agettaagtg gacaatgttt 720
tgtatatagt tgagaatttt acgacacttt taaaaattgt gtaattgtta aatgtccagt 780
tttgctctgt tttgcctgaa gtttttagtat ttgttttcta ggtggacctc tgaaaaccaa 840
accagtacct ggggagggtta gatgtgtgtt tcaggccttg agtgtatgag tgggttttgct 900
tgtattttcc tccagagatt ttgaacttta ataattgcgt gtgtgttttt ttttttttaa 960
15  gtggccttgt ttttttttct caagtaaaat tgtgaacata tttcctttat aggggcaggg 1020
catgagttag ggagactgaa gagtattgta gactgtacat gtgccttctt aatgtgtttc 1080
tcgacacatt ttttttcagt aacttgaaaa ttcaaaaggg acatttggtt aggttactgt 1140
acatcaatct atgcataaat ggcagcttgt tttcttgagc cactgtctaa attttgttt 1200
tatagaaatt ttttatactg attgggttcac agatgggtcag ttttgtagac agactgaaca 1260
atacagcact ttgccccaaa tgagtgtagc attgttttaa cattgtgtgt taacacctgt 1320
tctttgtaat tgggttgtgg tgcattttgc actacctgga gttacagttt tcaatctgtc 1380
agtaaataaa gtgtccttta acttcaaaaa aaaaaaaaaa

```

25 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 26:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 689 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

30 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNAs

35

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

40 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN: Endothelzelle

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5

~~(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 26:~~

```

10 aaacaaacaa aaaaaaagtt agtactgtat atgtaaatac tagctttttca atgtgctata 60
   caaacaatta tagcacatcc ttcctttttac tctgtctcac ctccttttagg tgagtacttc 120
   cttaaataag tgctaaacat acatatacgg aacttgaaag ctttggttag ccttgcccta 180
   ggtaatcagc ctagttttaca ctgtttccag ggagtagttg aattactata aaccattagc 240
   cacttgcttc tgcaccattt atcacaccag gacagggctc ctcaacctgg gcgctactgt 300
   catttggggc caggtgattc ttccttgcaa gggctgtcct gtacctgccc gggcgggccgc 360
   tcgaagcgtg gtcgcggccg aggtactgaa aggaccaagg agctctggct gccctcagga 420
   attccaaatg accgaaggaa caaagcttca gggctctggg tgggtgtctcc cactattcag 480
   gaggtggtcg gaggtaacgc agcttcattt cgtccagtcc tttccagtat ttaaagttgt 540
   tgtcaagatg ctgcattaaa tcaggcaggt ctacaaaggc atcccaagca tcaaacaatgt 600
20 ctgtgatgaa gtaatcaatg aaacaccgga acctccgacc acctcctgaa tagtgggaga 660
   cacaccaga gcctgaagtt tgtccttcg

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 27:

## 25 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 471 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

35

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN: Endothelzelle

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

5

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 27:

10

```
tcccagcggc atgaagtttg agattggcca ggccctgtac ctgggcttca tctccttcgt 60
ccctctcgct cattggtggc accctgcttt gcctgtcctg ccaggacgag gcaccctaca 120
agccctaacc caggccccgc ccagggccac cagcaccact gcaaacaccg cacctgccta 180
ccagccacca gctgcctaca aagacaatcg ggccccctca gtgacctcgg ccaccacagc 240
15 gggtagaggc tgaacgacta cgtgtgagtc cccacagcct gcttctcccc tgggctgctg 300
tgggctggtt cccggcggga ctgtcaatgg aggcaggggg tccagcaca agtttacttc 360
tgggcaattt ttgtatccaa ggaaataatg tgaatgcgag gaaatgtctt tagagcacag 420
ggacagaggg ggaaataaga ggaggagaaa gctctctata ccaaagactg a
```

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 28:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 929 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNAs

30

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

35

(vi) HERKUNFT:



(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN: Endothelzelle

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

5

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 28:

10

```

ggtgaactca gtgcattggg ccaatgggtc gacacaggct ctgccagcca caaccatcct 60
gctgcttctg acggtttggc tgetggtggg ctttcccctc actgtcattg gaggcattct 120
tggaagaac aacgccagcc cttttgatgc accctgtcgc accaagaaca tcgcccgga 180
gattccaccc cagccctggg acaagtctac tgtcatccac atgactgttg gaggcttcct 240
15 gcttttcagt gccatctctg tggagctgta ctacatcttt gccacagtat ggggtcggga 300
gcagtacact ttgtacggca tcctcttctt tgtcttcgcc atcctgctga gtgtgggggc 360
ttgcatctcc attgactca cctacttcca gttgtctggg gaggattacc gctggtggtg 420
gcgatctgtg ctgagtgttg gctccaccgg cctcttcata ttcctctact cagttttcta 480
ttatgcccg cgctccaaca tgtctggggc agtacagaca gtagagttct tcggctactc 540
20 cttactcact gggtatgtct tcttcctcat gctgggcacc atctcctttt tttcttccct 600
aaagtctatc cggtatatct atgttaacct caagatggac tgagttctgt atggcagaac 660
tattgctgtt ctctcccttt cttcatgccc tgttgaactc tcctaccagc ttctcttctg 720
attgactgaa ttgtgtgatg gcattgttgc cttccctttt tccctttggg cattccttcc 780
ccagagaggg cctggaaatt ataaatctct atcacataag gattatatat ttgaactttt 840
25 taagttgcct ttagtttttg tcctgatttt tctttttaca attaccaaaa taaaatttat 900
taagaaaaag aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 29:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1775 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

35

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

5 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN: Endothelzelle

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

10 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 29:

15

|    |             |             |             |             |            |             |      |
|----|-------------|-------------|-------------|-------------|------------|-------------|------|
|    | gaacgtgatg  | ggaacttttg  | gaggatgtct  | gagaaaaatgt | ccgaagggat | tttggccaac  | 60   |
|    | accagaaaac  | gccaatgtcc  | taggaattcc  | ctcccaaaat  | gcttcccaaa | aaattactca  | 120  |
|    | ttgacaattc  | aaattgcact  | tggtctggcg  | cagcccgggc  | ggccttcagt | ccgtgtgggg  | 180  |
|    | cgcccgcgtg  | gcctttctct  | cgtaggactc  | cccaaactcg  | ttcactctgc | gtttatccac  | 240  |
| 20 | aggataaagc  | caccgctggt  | acaggtagac  | cagaaacacc  | acgtcgtccc | ggaagcaggc  | 300  |
|    | cagccggtga  | gacgtgggca  | tggtgatgat  | gaaggcaaag  | acgtcatcaa | tgaagggtgtt | 360  |
|    | gaaagccttg  | taggtgaagg  | ccttccaggg  | cagatgtgcc  | actgacttca | acttgtagtt  | 420  |
|    | cacaaagagc  | tggggcagca  | tgaagaggaa  | accaaaggca  | tagaccccgt | tgacgaagct  | 480  |
|    | gttgattaac  | caggagtacc  | agctcttata  | tttgatattc  | aggagtgaat | agacagcacc  | 540  |
| 25 | cccgaacacag | agaggggtaca | gcagggtatga | caagtacttc  | atggcctgag | tatcgtactc  | 600  |
|    | ctcggttttc  | ctctcagatt  | cgctgtaagt  | gccaaactga  | aattcgggca | tcaggcctct  | 660  |
|    | ccaaaaaata  | gtcatcttca  | atgcctttct  | cactttccac  | agctcaatgg | cggctccaac  | 720  |
|    | acccgccggg  | accagcacca  | gcaggctcgt  | ctgctcgtcc  | agcaggaaca | gaaagatgac  | 780  |
|    | cacggtgctg  | aagcagcgcc  | agagcaactgc | cttggtggac  | atgccgatca | tgctcttctt  | 840  |
| 30 | cttcttccag  | aaactgatgt  | cattttttaa  | ggccaggaaa  | tcaaagagaa | gatggaacgc  | 900  |
|    | tgcgacaaaag | aaggtcagcg  | ccaggaagta  | taagttggta  | tctacaaaaa | ttcctttcac  | 960  |
|    | ctcatcagca  | tctttctctg  | aaaaccgaa   | ctgctgcagg  | gagtacacgg | cgtcctgcat  | 1020 |
|    | gtggatccag  | aagcgcagcc  | gccccagtga  | gaccttgtcg  | taggacacgg | tgaggggcag  | 1080 |
|    | ctcggtggtg  | gagcggttta  | tgaccatcag  | gtccttcacg  | cggttgctga | gctggtcgat  | 1140 |
| 35 | gaacaggatg  | ggcaggtaat  | gcacggtttt  | ccccagctgg  | atcatcttca | tgtaccgatg  | 1200 |
|    | cacatcggca  | ggcagggagg  | acccgtcaaa  | gacaaagtgt  | tccgccatca | cgttcagcgc  | 1260 |
|    | cagccgcggt  | cgccagtggg  | acactggctc  | atccagggca  | ctcgtcggct | tcttctccgc  | 1320 |
|    | ctcgatctgc  | tgtgtatcag  | actccccggt  | gagcagggtg  | atttcttctg | gcttggggac  | 1380 |
|    | catgtaggtg  | gtcagaggac  | tgaccagggtg | cacctgcttc  | ccgtcgtgcc | acggcaggac  | 1440 |
| 40 | cccagcgtga  | tggaggaaga  | tgtaggcata  | cagcgtccca  | ttgtttctcg | ttttcttttg  | 1500 |
|    | tacagaaaca  | ttaactgtcc  | tttcaaattt  | ggactccaca  | tcaaagtctt | ccacattcaa  | 1560 |
|    | gaccaggtcg  | atgttggtct  | cagcaccacg  | gtgggacctc  | gtcgtgggtg | acacgctcag  | 1620 |
|    | ctgcagcttg  | ggccgcgcgc  | ccaggtaggg  | ctggatgcag  | ttggcgctgc | cggagcacgg  | 1680 |
| 45 | gcgggtgtag  | acgatgccgt  | acatgaccca  | gcaggtgtgc  | accacgtaga | ccacgaacac  | 1740 |
|    | gcccaccacc  | aagctggtga  | aggagctgcg  | gcccc       |            |             |      |

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 30:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

5 (A) LÄNGE: 1546 Basenpaare

~~(B) TYP: Nukleinsäure~~

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

15 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN: Endothelzelle

20

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 30:

```

30  aaaataagta ggaatgggca gtgggtattc acattcacta caccttttcc atttgctaatt 60
    aaggccctgc caggctggga gggaattgtc cctgcctgct tctggagaaa gaagatattg 120
    acaccatcta cgggcacccat ggaactgctt caagtgacca ttctttttct tctgcccagt 180
    atttgcagca gtaacagcac aggtgtttta gaggcagcta ataattcact tgttggttact 240
    acaacaaaac catctataac aacaccaaac acagaatcat tacagaaaaa tgttggtcaca 300
    ccaacaactg gaacaactcc taaaggaaca atcaccaatg aattacttaa aatgtctctg 360
    atgtcaacag ctactttttt aacaagtaaa gatgaaggat tgaaagccac aaccactgat 420
35  gtcaggaaga atgactccat catttcaaac gtaacagtaa caagtgttac acttccaaat 480
    gctgtttcaa cattacaaag ttccaaaccc aagactgaaa ctcagagttc aattaaaaca 540

```

```

acagaaatac caggtagtgt tctacaacca gatgcatcac cttctaaaac tgggtacatta 600
acctcaatac cagttacaat tccagaaaac acctcacagt ctcaagtaat aggcactgag 660
ggtggaaaaa atgcaagcac ttcagcaacc agccggtctt attccagtat tattttgccg 720
gtgggtattg ctttgattgt aataacactt tcagtatttg ttctggtggg tttgtaccga 780
5 atgtgctgga aggcagatcc gggcacacca gaaaatggaa atgatcaacc tcagtctgat 840
aaagagagcg tgaagcttct taccgttaag acaatttctc atgagtctgg tgagcactct 900
gcacaaggaa aaaccaagaa ctgacagctt gaggaattct ctccacacct aggcaataat 960
tacgcttaat cttcagcttc tatgcaccaa gcgtggaaaa ggagaaagtc ctgcagaatc 1020
aatcccgact tccatacctg ctgctggact gtaccagacg tctgtcccag taaagtgatg 1080
10 tccagctgac atgcaataat ttgatggaat caaaaagaac cccggggctc tctgtttctc 1140
tcacatttaa aaattccatt actccattta caggagcgtt cctaggaaaa ggaatttttag 1200
gaggagaatt tgtgagcagt gaatctgaca gcccaggagg tgggctcgct gataggcatg 1260
acttttcctt atgttttaaag ttttccgggc caagaatttt tatccatgaa gactttccta 1320
cttttctcgg tgttcttata ttacctactg ttagtattta ttgtttacca ctatgttaat 1380
15 gcagggaaaa gttgcacgtg tattattaaa tattaggtag aaatcatacc atgctacttt 1440
gtacatataa gtattttatt cctgctttcg tgttactttt aataaataac tactgtactc 1500
aataactctaa aaatactata acatgactgt gaaaatggca aaaaaa

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 31:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 750 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- 25 (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

### 35 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN: Endothelzelle

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- 40 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 31:

5

---

```

caattgggca cccccatttt etaaaaaaat ggaaatcttg agggcaaaaa aggtgtgtct 60
aagggaagtg cctctgatgg cccaaaaacc ttcttccaaa ctagtgtagg aatggaatgg 120
atagcaaatg gatccttttt ggccctcttt ggagcatgcc ttccctatct tatccttggc 180
cccactaaag cagaacgtta cggatatttc tgtttttgcc attggatgcc tatctggcca 240
10 aacagccttt ccctaattgg aaaatgcagt cctgtttaaa acctttgatt tacgactact 300
tgtacatgct tgctcattac aattttgaca ttttttacat agtgaagacc ccaaacatat 360
cagtgaacaa tgacaagatc ataaagaaca gtatcatatt attatttagt cgcttttaca 420
gtggcaagcc aattttgaaa tatctcattt aaaactcaga cccaattcac tgagttatac 480
ttttaatagc ttcttcagca cactatttcc catgcattaa atatgataaa ataactctatc 540
actgcccatac ggtcttgtaa aaaggaagtc tgaatacaga gccacaaca ctaaaattgt 600
ttttctagct acaaagtata gcatcatcaa cacagacacg atttggaact cctgacaggt 660
ggattggaaa acggtgttta aagagaagag aacattttta cataaatgtc attaagaatc 720
ccaaaggcct tatttgtcac caccgtcccg

```

20

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 32:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1620 Basenpaare

25

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNAs

30

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

35

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN: Endothelzelle

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 32:

|    |             |            |             |            |             |            |      |
|----|-------------|------------|-------------|------------|-------------|------------|------|
|    | gcaattcccc  | cctcccacta | aacgactccc  | agtaattatg | tttacaaccc  | attggatgca | 60   |
| 10 | gtgcagccat  | tcataagaac | cttggtgccc  | cagaaaaatc | tgtccttttt  | ggtaccaaac | 120  |
|    | ctgagggtctt | ttggaagata | atgtagaaaa  | ccactaccta | ttgaaggcct  | gttttggcta | 180  |
|    | atctgtgcaa  | actctgatga | tacctgcctt  | atgtggattc | tttccacac   | tgctttcatt | 240  |
|    | tttaagtata  | aagacttaga | aaactagaat  | aatgctttta | caaataatta  | aaagtatgtg | 300  |
|    | atgttctggg  | ttttttcctt | cttttttagaa | ccccgcctcc | atttaaaaaa  | ttaaaaaaa  | 360  |
|    | aaaaaaaaact | tttaacattt | aaaaaataaa  | aattaacaaa | atttcactta  | ttccaggaca | 420  |
|    | cgctggcatt  | tggactcaat | gaaaagggca  | cctaaagaaa | ataaggctga  | ctgaatgttt | 480  |
|    | tccataattt  | tcacacaata | acagtccttt  | tctatccagc | ttgccttcca  | tttatctcta | 540  |
|    | gggttagctt  | ttcaggcaac | atccttggtc  | attgcccaga | aagtacctga  | gctatcagtg | 600  |
|    | attggaatgg  | cacaggaaac | cgaatcacat  | gggtgccctc | cccttggttt  | tcaagtatct | 660  |
| 20 | tggagtgtg   | cacaaaaatt | aggtcatgcc  | ttcagtgtct | tgttctttta  | acctaccctt | 720  |
|    | tgacaatcag  | gtgctaata  | ttgtatacta  | ttaaaaccag | cacataagta  | ttgtaaatgt | 780  |
|    | gtgttcctcc  | taggttggaa | gaaatgtctt  | tccttctatc | tgggtcctgt  | taaagcgggt | 840  |
|    | gtcagttgtg  | tcttttcacc | tcgatttgtg  | aattaataga | attgggggga  | gaggaaatga | 900  |
|    | tgatgtcaat  | taagtttcag | gtttggcatg  | atcatcattc | tcgatgatat  | tctcactttg | 960  |
| 25 | tcgcaaactc  | gcccttatcg | taagaacaag  | tttcagaatt | ttccctccac  | tatacgactc | 1020 |
|    | cagtattatg  | tttacaatcc | attggatgag  | tgcagcatta | taagaccttg  | gtgcccagaa | 1080 |
|    | aaatctgtcc  | tttttggtag | caaacctgag  | gtcttttggg | agataatgta  | gaaaaccact | 1140 |
|    | acctattgaa  | ggcctgtttt | ggctaattctg | tgcaaactct | gatgatacct  | gcttatgtgg | 1200 |
|    | attcttttcc  | acactgcttt | cattttttaag | tataaagact | tagaaaacta  | gaataatgct | 1260 |
| 30 | tttacaata   | attaaaagta | tgtgatgttc  | tgggtttttt | ccttcttttt  | agaaccctgt | 1320 |
|    | atttaaacaa  | gccttctttt | taagtcttgt  | ttgaaattta | agtctcagat  | cttctggata | 1380 |
|    | ccaaatcaaa  | aacccaacgc | gtaaaacagg  | gcagtatttg | tgttccta    | tttaaaaagc | 1440 |
|    | tttatgtata  | ctctataaat | atagatgcat  | aaacaacact | tccccttgag  | tagcacatca | 1500 |
|    | acatacagca  | ttgtacatta | caatgaaaat  | gtgtaactta | agggtattat  | atatataaat | 1560 |
| 35 | acatatatac  | ctttgtaacc | tttatactgt  | aaataaaaaa | gttgcttttag | tcaaaaaaaa | 1620 |

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 33:

40

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2968 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNAs

5 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

10

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN: Endothelzelle

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 33:

|    |            |            |             |             |             |             |      |
|----|------------|------------|-------------|-------------|-------------|-------------|------|
| 20 | gaaaaagtag | aaggaaacac | agttcatata  | gaagtaaaag  | aaaaccctga  | agaggaggag  | 60   |
|    | gaggaggaag | aagaggaaga | agaagatgaa  | gaaagtgaag  | aggaggagga  | agaggaggga  | 120  |
|    | gaaagtgaag | gcagtgaagg | tgatgaggaa  | gatgaaaagg  | tgtcagatga  | gaaggattca  | 180  |
|    | gggaagacat | tagataaaaa | gccaaagtaa  | gaaatgagct  | cagattctga  | atatgactct  | 240  |
|    | gatgatgac  | ggactaaaga | agaaagggct  | tatgacaaag  | caaaacggag  | gattgagaaa  | 300  |
|    | cggcgacttg | aacatagtaa | aaatgtaaac  | accgaaaagc  | taagagcccc  | tattatctgc  | 360  |
|    | gtacttgggc | atgtggacac | aggggaagaca | aaaattctag  | ataagctccg  | tcacacacat  | 420  |
|    | gtacaagatg | gtgaagcagg | tggtatcaca  | caacaaattg  | gggccaccaa  | tgttcctctt  | 480  |
|    | gaagctatta | atgaacagac | taagatgatt  | aaaaattttg  | atagagagaa  | tgtacggatt  | 540  |
|    | ccaggaatgc | taattattga | tactcctggg  | catgaatctt  | tcagtaatct  | gagaaataga  | 600  |
| 30 | ggaagctctc | tttgtgacat | tgccatttta  | gttgttgata  | ttatgcatgg  | tttgagagccc | 660  |
|    | cagacaattg | agtctatcaa | ccttctcaaa  | tctaaaaaat  | gtcccttcac  | tggtgcactc  | 720  |
|    | aataagattg | ataggttata | tgattggaaa  | aagagtcctg  | actctgatgt  | ggctgtact   | 780  |
|    | ttaaagaagc | agaaaaagaa | tacaaaagat  | gaatttgagg  | agcgagcaaa  | ggctattatt  | 840  |
|    | gtagaatttg | cacagcaggg | tttgaatgct  | gctttgtttt  | atgagaataa  | agatccccgc  | 900  |
| 35 | acttttgtgt | ctttggtacc | tacctctgca  | catactgggtg | atggcatggg  | aagtctgac   | 960  |
|    | taccttcttg | tagagttaac | tcagaccatg  | ttgagcaaga  | gacttgacac  | ctgtgaagag  | 1020 |
|    | ctgagagcac | aggtgatgga | ggttaaagct  | ctcccgggga  | tgggcaccac  | tatagatgtc  | 1080 |
|    | atcttgatca | atgggcgttt | gaaggaagga  | gatacaatca  | ttgttccttg  | agtagaaggg  | 1140 |
|    | cccattgtaa | ctcagattcg | aggcctcctg  | ttacctcctc  | ctatgaagga  | attacgagtg  | 1200 |
| 40 | aagaaccagt | atgaaaagca | taaagaagta  | gaagcagctc  | aggggggtaaa | gattccttgga | 1260 |
|    | aaagacctgg | agaaaacatt | ggctgggtta  | cccctccttg  | tggcttataa  | agaagatgaa  | 1320 |
|    | atccctgttc | ttaaagatga | attgatccat  | gagttaaagc  | agacactaaa  | tgctatcaaa  | 1380 |
|    | ttagaagaaa | aaggagtcta | tgtccaggca  | tctacactgg  | gttccttgga  | agctctactg  | 1440 |

|    |            |             |             |            |             |             |      |
|----|------------|-------------|-------------|------------|-------------|-------------|------|
|    | gaatttctga | aaacatcaga  | agtgccttat  | gcaggaatta | acattggccc  | agtgcataaa  | 1500 |
|    | aaagatgtta | tgaaggcttc  | agtgatgttg  | gaacatgacc | ctcagtatgc  | agtaattttg  | 1560 |
|    | gccttcgatg | tgagaattga  | acgagatgca  | caagaaatgg | ctgatagttt  | aggagttaga  | 1620 |
|    | atTTTTagtg | cagaaattat  | ttatcattta  | tttgatgcct | ttacaaaata  | tagacaagac  | 1680 |
| 5  | tacaagaaac | agaaacaaga  | agaattttaag | cacatagcag | tatttccctg  | caagataaaa  | 1740 |
|    | atcctccctc | agtacatttt  | taattctcga  | gatccgatag | tgatgggggt  | gacggtggaa  | 1800 |
|    | gcaggtcagg | tgaaacaggg  | gacacccatg  | tgtgtcccaa | gcaaaaattt  | tggtgacatc  | 1860 |
|    | ggaatagtaa | caagtattga  | aataaaccat  | aaacaagtgg | atggttgcaa  | aaaaggacaa  | 1920 |
|    | gaagtttgtg | taaaaaataga | acctatccct  | ggtgagtcac | ccaaaatggt  | tggaagacat  | 1980 |
| 10 | tttgaagcta | cagatattct  | tgtagtaag   | atcagccggc | agtccattga  | tgactcaaaa  | 2040 |
|    | gactggttca | gagatgaaat  | gcagaagagt  | gactggcagc | ttattgtgga  | gctgaagaaa  | 2100 |
|    | gtatttgaaa | tcatctaatt  | ttttcacatg  | gagcaggaac | tggagtaa    | gcaataactgt | 2160 |
|    | gttgtaatat | cccaacaaaa  | atcagacaaa  | aaatggaaca | gacgtatttg  | gacactgatg  | 2220 |
|    | gacttaagta | tggaaggaag  | aaaaataggt  | gtataaaatg | ttttccatga  | gaaaccaaga  | 2280 |
| 15 | aacttacact | ggtttgacag  | tggtcagtta  | catgtcccca | cagttccaat  | gtgcctgttc  | 2340 |
|    | actcacctct | cccttcccca  | acccttctct  | acttggctgc | tggttttaaag | tttgcccttc  | 2400 |
|    | cccaaatttg | gatttttatt  | acagatctaa  | agctctttcg | attttatact  | gattaaatca  | 2460 |
|    | gtactgcagt | atgttgattaa | aaaaaaaaaa  | gcagattttg | tgattcttgg  | gacttttttg  | 2520 |
|    | acgtaagaaa | tacttcttta  | tttatgcata  | ttcttccac  | agtgattttt  | ccagcattct  | 2580 |
|    | tctgccatat | gccttttaggg | cttttataaa  | atagaaaatt | aggcattctg  | atatttcttt  | 2640 |
|    | agctgctttg | tgtgaaacca  | tggtgtataaa | gcacagctgg | ctgcttttta  | ctgcttgtgt  | 2700 |
|    | agtcacgagt | ccattgtaat  | catcacaatt  | ctaaaccaa  | ctaccaataa  | agaaaacaga  | 2760 |
|    | catccaccag | taagcaagct  | ctgttaggct  | tccatggtta | gtggtagctt  | ctctcccaca  | 2820 |
|    | agttgtcctc | ctaggacaag  | gaattatctt  | aacaaactaa | actatccatc  | acactacctt  | 2880 |
| 25 | ggtatgccag | cacctgggta  | acagtaggag  | attttataca | ttaatctgat  | ctgtttaatc  | 2940 |
|    | tgatcggttt | agtagagatt  | ttatacat    |            |             |             |      |

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 34:

30

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 899 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

35

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

40

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:



(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN: Endothelzelle

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

5 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 34:

10

```

aaattttaaag accctccccc gaatcaatac ttctctggat ttgggttaact gcgtcatgta 60
tttaagggag gcaccgaaag ccatcatgac tgggtgtgct ttgaaacaca ctatgttgca 120
tagttgctgg ccaacagcat cttctttgct gacctatatg ttcatttttc cagatcaacc 180
ttttcggcct tccttgtccc gcaataacag cgtacctaat tactgcaaaa atgatgaagg 240
15 ggatatattc ctggcagctg agccctggaa cctgacgtt tgtaccagct gcatctgcat 300
tgatagcgta attagctgtt tctctgagtc ctgcccttct gtatcctgtg aaagacctgt 360
cttgagaaaa ggccagtgtt gtccctactg cataaaagac acaattccaa agaagggtgg 420
gtgccacttc agtgggaagg cctatgccga cgaggagcgg tgggaccttg acagctgcac 480
ccactgctac tgcctgcagg gccagaccct ctgctcgacc gtcagctgcc cccctctgcc 540
20 ctgtgttgag cccatcaacg tggaaggaag ttgctgcca atgtgtccag aaatgtatgt 600
cccagaacca accaatatac ccattgagaa gacaaaccat cgaggagagg ttgacctgga 660
ggttcccctg tggcccacgc ctagtgaaaa tgatatcgtc acatctccct agagatatgg 720
gtcacctgcc aggtagatta cagagataac aggctgcacc caagtgaaga ttcttctactg 780
gactccattg cctcagttgt gggtcccata attatatgcc tctctattat aatagcattc 840
25 ctattcatca atcagaagaa acagtggata ccactgcttt gctgggatcg aacaccaac
  
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 35:

30

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 716 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

5 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN: Endothelzelle

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 35:

```

15 gcagtacctg gagtgtcctg cagggggaaa gccaaccggg ccctgaagtc cggggcagtc 60
   acccggggct cctgggccgc tctgccgggc tggggctgag cagcgatcct gctttgtccc 120
   agaagtccag agggatcagc ccagaacac accctcctcc ccgggacgcc gcagctttct 180
   ggaggctgag gaaggcatga agagtgggct ccacctgctg gccgactgag aaaagaattt 240
   ccagaactcg gtcctatttt acagattgag aaactatggg tcaagaagag aggacggggc 300
20 ttgagggaat ctctgattc tccttatatg acctcaaact gaccatacta aacagtgtag 360
   aaggctcttt taaggctcta aatgtcaggg tctcccatcc cctgatgcct gacttgtaca 420
   gtcagtgtgg agtagacggg ttcctccacc cagggttgac tcagggggat gatctgggtc 480
   ccattctggg cttaagaccc caaacaaggg ttttttcagc tccaggatct ggagcctcta 540
   tctggttagt gtcgtaacct ctgtgtgcct cccgttacc cactctgtcca gtgagctcag 600
25 ccccatcca cctaacaggg tggccacagg gattactgag ggtaagacc ttagaactgg 660
   gtctagcacc cgataagagc tcaataaatg ttgttccttt ccacatcaaa aaaaaa

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 36:

30

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 395 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

35

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

5

---

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN: Endothelzelle

10

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 36:

15

ccaatacttc attcttcatt ggtggagaag attgtagact tctaagcatt ttccaaataa 60  
 aaaagctatg atttgatttc caacttttaa acattgcatg tcctttgcca ttactacat 120  
 tctccaaaaa aaccttgaaa tgaagaaggc cacccttaaa atacttcaga ggctgaaaat 180  
 20 atgattatta cattggaatc ctttagccta tgtgatattt ctttaacttt gcactttcac 240  
 gccagtaaa accaaagtca gggtaaccaa tgtcatttta caaaatgtta aaaccctaata 300  
 tgcagttcct tttttaaat attttaaaga ttacttaaca acattagaca gtgcaaaaaa 360  
 agaagcaagg aaagcattct taattctacc atcct

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 37:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 134 Basenpaare

30

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung

35

hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN: Endothelzelle

10

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 37:

15

```
ccctcgagcg gccgcccggg caggtacttt taccaccgaa ttgttcactt gactttaaga 60
aaccataaa gctgcctggc tttcagcaac aggccatca acaccatggt gagtctccat 120
aaggacacc gtgt
```

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 38:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

25

(A) LÄNGE: 644 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 (C) ORGAN: Endothelzelle

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 38:

15 aagcctgttg tcatggggga ggtggtggcg cttggtggcc actggcggcc gaggtagagg 60  
 cagtggcgct tgagttggtc gggggcagcg gcagatttga ggcttaagca acttcttccg 120  
 gggaagagtg ccagtgcagc cactgttaca attcaagatc ttgatctata tccatagatt 180  
 ggaatatttg tgggccagca atcctcagac gcctcactta ggacaaatga ggaaactgag 240  
 gcttggtgaa gttacgaaac ttgtccaaaa tcacacaact tgtaaagggc acagccaaga 300  
 ttcagagcca ggctgtaaaa attaaaatga acaaattacg gcaaagtttt aggagaaaga 360  
 20 aggatgttta tgttccagag gccagtcgtc cacatcagtg gcagacagat gaagaaggcg 420  
 ttcgcaccgg aaaatgtagc ttcccgggta agtaccttgg ccatgtagaa gttgatgaat 480  
 caagaggaat gcacatctgt gaagatgctg taaaaagatt gaaagctgaa aggaagttct 540  
 tcaaaggctt ctttggaaaa actggaaaga aagcagttaa agcagtttct gtgggtctaa 600  
 25 gcagatggac tcagagggtg tggatgaaaa actaaggacc tcat

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 39:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

30 (A) LÄNGE: 657 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

5 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN: Endothelzelle

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

10 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 39:

15

ctttttggtt gggttttcca atgtagatgt ctcagtga aa tgtgcagata tactttgttc 60  
cttatatggt caccagtgtt aattatggac aaatacatta aaacaagggt tcctggccca 120  
gcctcccatc taatctcttt gatactcttg gaatctaagt ctgaggagcg atttctgaat 180  
tagccagtgt tgtaccaact ttctgttagg aattgtatta gaataacctt tctttttcag 240  
20 acctgctcag tgagacatct tggggaatga agtaggaaaa tagacatttg gtggaaaaac 300  
agcaaaatga gaacattaaa aagactcatt caagtatgag tataaagggc atggaaattc 360  
tggtcctttg agcaaaatga gaagaaaaaa ttctgctcag cagtattcac tgtgttaaga 420  
ttttttggtt tttacacgaa tggaaaaatg atgtgtaagt ggtatagatt ttaatcagct 480  
aacagtcact ccagagattt tgatcagcac caattcctat agtagtaagt atttaaaagt 540  
25 taagaaatac tactacattt aacattataa agtagagttc tggacataac tgaaaattag 600  
atgtttgctt caatagaaat ttgttcccac ttgtattttc aacaaaatta tcggaac

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 40:

30

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1328 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

35

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

5

~~(iii) ANTI-SENSE: NEIN~~

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10

(C) ORGAN: Endothelzelle

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 40:

|    |             |            |            |            |             |             |      |
|----|-------------|------------|------------|------------|-------------|-------------|------|
|    | acaatttttaa | aataactagc | aattaatcac | agcatatcag | gaaaaagtac  | acagtgagtt  | 60   |
| 20 | ctgggttagtt | tttgtaggct | cattatgggt | agggtcgtta | agatgtatat  | aagaacctac  | 120  |
|    | ctatcatgct  | gtatgtatca | ctcattccat | tttcatgttc | catgcatact  | cgggcatcat  | 180  |
|    | gctaatatgt  | atccttttaa | gcactctcaa | ggaaacaaaa | gggcctttta  | tttttataaa  | 240  |
|    | ggtaaaaaaa  | attccccaaa | tattttgcac | tgaatgtacc | aaagggtgaag | ggacattaca  | 300  |
|    | atatgactaa  | cagcaactcc | atcacttgag | aagtataata | gaaaatagct  | tctaaatcaa  | 360  |
|    | acttccttca  | cagtgccgtg | tctaccacta | caaggactgt | gcatctaagt  | aataattttt  | 420  |
|    | taagattcac  | tatatgtgat | agtatgatat | gcattttatt | aaaatgcatt  | agactctctt  | 480  |
|    | ccatccatca  | aatactttac | aggatggcat | ttaatacaga | tatttcgtat  | ttccccact   | 540  |
|    | gctttttatt  | tgtacagcat | cattaaacac | taagctcagt | taaggagcca  | tcagcaacac  | 600  |
|    | tgaagagatc  | agtagtaaga | attccatttt | ccctcatcag | tgaagacacc  | acaaattgaa  | 660  |
| 30 | actcagaact  | atatttctaa | gcctgcattt | tcactgatgc | ataattttct  | tagtaatat   | 720  |
|    | aagagacagt  | ttttctatgg | catctccaaa | actgcatgac | atcactagtc  | ttacttctgc  | 780  |
|    | ttaattttat  | gagaaggat  | tcttcatttt | aattgctttt | gggattactc  | cacatctttg  | 840  |
|    | tttattttct  | gactaatcag | attttcaata | gagtgaagtt | aaattggggg  | tcataaaagc  | 900  |
|    | attggattga  | catatgggtt | gccagcctat | gggtttacag | gcattgcccc  | aacattttct  | 960  |
| 35 | tgagatctat  | atttataagc | agccatggaa | ttcctattat | gggatgtttg  | caatcttaca  | 1020 |
|    | ttttatagag  | gtcatatgca | tagttttcat | aggtgttttg | taagaactga  | ttgctctcct  | 1080 |
|    | gtgagttaag  | ctatgtttac | tactgggacc | ctcaagagga | ataccactta  | tgttacactc  | 1140 |
|    | ctgcactaaa  | ggcacgtact | gcagtgtgaa | gaaatgttct | gaaaaagggg  | tatagaaatc  | 1200 |
|    | tggaaataag  | aaaggaagag | ctctctgtat | tctataattg | gaagagaaaa  | aaagaaaaac  | 1260 |
| 40 | ttttaactgg  | aaatgttagt | ttgtacttat | tgatcatgaa | tacaagtata  | tattttaattt | 1320 |
|    | tgaaaaaa    |            |            |            |             |             |      |

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 41:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 987 Basenpaare

5 (B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN: Endothelzelle

20 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 41:

25

```

aacagagact ggcacaggac ctcttcattg caggaagatg gtagtgtagg caggtaacat 60
tgagctcttt tcaaaaaagg agagctcttc ttcaagataa ggaagtggta gttatggtgg 120
taacccccgg ctatcagtcg ggatggttgc caccctctct gctgtaggat ggaagcagcc 180
30 atggagtgagg agggaggcgc aataagacac ccctccacag agcttggcat catgggaagc 240
tggttctacc tcttcctggc tcctttgttt aaaggcctgg ctgggagcct tccttttggg 300
tgtctttctc ttctccaacc aacagaaaag actgctcttc aaaggtggag ggtcttcatg 360
aaacacagct gccaggagcc caggcacagg gctgggggcc tggaaaaagg agggcacaca 420
ggaggaggga ggagctggta gggagatgct ggctttacct aaggtctcga aacaaggagg 480
35 gcagaatagg cagaggcctc tccgtcccag gcccatTTTT gacagatggc gggacggaaa 540
tgcaatagac cagcctgcaa gaaagacatg tgttttgatg acaggcagtg tggccgggtg 600
gaacaagcac aggccttgga atccaatgga ctgaatcaga accctaggcc tgccatctgt 660

```



```

cagccgggtg acctgggtca attttagcct ctaaaagcct cagtctcctt atctgcaaaa 720
tgaggcttgt gatacctgtt ttgaagggtt gctgagaaaa ttaaagataa gggatatcaa 780
aatagtctac ggccatacca ccctgaacgt gcctaattctc gtaagctaag cagggtcagg 840
cctgggttagt acctggatgg ggagagtatg gaaaacatac ctgcccgcag ttggagttgg 900
5 actctgtctt aacagtagcg tggcacacag aaggcactca gtaaatactt gttgaataaa 960
tgaagtagcg atttggtgtg aaaaaaa

```

---

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 42:

10

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 956 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNAs

20

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN: Endothelzelle

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

30

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 42:

```

35 cggacgggtgg ggcggacgcg tgggtgcagg agcagggcgg ctgccgactg ccccaaccaa 60
ggaaggagcc cctgagtcgg cctgcgcctc catccatctg tccggccaga gccggcatcc 120

```

```

ttgcctgtct aaagccttaa ctaagactcc cgccccgggc tggccctgtg cagaccttac 180
tcaggggatg tttacctggt gctcgggaag ggaggggaag gggccgggga gggggcacgg 240
caggcgtgtg gcagccacac gcaggcggcc agggcggcca gggacccaaa gcaggatgac 300
cacgcacctc cacgccactg cctcccccca atgcatttgg aaccaaagtc taaactgagc 360
5  tgcagcccc cgcgccctcc ctccgcctcc catcccgctt agcgctctgg acagatggac 420
gcaggccctg tccagcccc agtgcgctcg ttccgggtccc cacagactgc cccagccaac 480
gagattgctg gaaaccaagt caggccaggt gggcggacaa aaggggcagg tgcggcctgg 540
ggggaacgga tgctccgagg actggactgt ttttttcaca catcgttgcc gcagcgggtg 600
gaaggaaagg cagatgtaaa tgatgtgttg gtttacaggg tatatttttg ataccttcaa 660
10 tgaatttaatt cagatgtttt acgcaaggaa ggaettaeee agtattactg ctgctgtgct 720
tttgatctct gcttacggtt caagaggcgt gtgcaggccg acagtcgggtg accccatcac 780
tcgcaggacc aagggggcgg ggactgctgg ctcacgcccc gctgtgtcct ccctcccctc 840
ccttccttgg gcagaatgaa ttcgatgcgt attctgtggc cgccatctgc gcagggtggt 900
ggtattctgt catttacaca cgtcgttcta attaaaaagc gaattatact ccaaaa

```

15

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 43:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 20 (A) LÄNGE: 536 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 25 (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNAs

### (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- 30 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN: Endothelzelle

35

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 43:

|    |            |            |            |            |            |            |     |
|----|------------|------------|------------|------------|------------|------------|-----|
|    | aaataaacac | ttccataaca | ttttgttttc | gaagtctatt | aatgcaatcc | cacttttttc | 60  |
| 5  | cccctagttt | ctaaatgtta | aagagagggg | aaaaaaggct | caggatagtt | ttcacctcac | 120 |
|    | agtgttagct | gtcttttatt | ttactcttgg | aaatagagac | tccattaggg | ttttgacatt | 180 |
|    | ttgggaaccc | agttttacca | ttgtgtcagt | aaaacaataa | gatagtttga | gagcatatga | 240 |
|    | tctaaataaa | gacatttgaa | gggttagttt | gaattctaaa | agtaggtaat | agccaaatag | 300 |
|    | cattctcatc | ccttaacaga | caaaaactta | tttgtcaaaa | gaattagaaa | aggtgaaaat | 360 |
| 10 | atTTTTTcca | gatgaaactt | gtgccacttc | caattgacta | atgaaataca | aggagacaga | 420 |
|    | ctggaaaaag | tgggttatgc | cacctttaaa | accctttctg | gtaaatatta | tggtagctaa | 480 |
|    | agggtggttt | ccccggcacc | tggacctgga | caggtagggt | tccgtggtta | accagt     |     |

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 44:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1630 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

20 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNAs

25 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## 30 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN: Endothelzelle

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

35 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 44:

```
5  ggggagggac gagtatggaa ccctgaaggt agcaagtcca ggcactggcc tgaccatccg 60
   gctccctggg caccaagtcc caggcaggag cagctgtttt ccatcccttc ccagacaagc 120
tetattttta teacaatgac ctttagagag gtetcccagg eeagetcaag gtgtcccact 180
   atccccctctg gagggaagag gcaggaaaat tctccccggg tccctgtcat gctactttct 240
   ccatcccagt tcagactgtc caggacatct tatctgcagc cataagagaa ttataaggca 300
10  gtgatttccc ttaggccag gacttgggcc tccagctcat ctgttccttc tgggccatt 360
   catggcaggt tctgggctca aagctgaact ggggagagaa gagatacaga gctaccatgt 420
   gactttacct gattgccctc agtttggggt tgcttatttg gaaagagaga gacaaagagt 480
   tacttgttac gggaaatatg aaaagcatgg ccaggatgca tagaggagat tctagcaggg 540
   gacaggattg gctcagatga cccctgaggg ctcttccagt cttgaaatgc attccatgat 600
15  attaggaagt cgggggtggg tgggtggtgg gggctagttg gggttgaatt taggggccga 660
   tgagcttggg tacgtgagca ggggtgtaag ttagggctctg cctgtatttc tgggtcccctt 720
   ggaaatgtcc ccttcttcag tgtcagacct cagtcccagt gtccatatcg tgcccagaaa 780
   agtagacatt atcctgcccc atcccttccc cagtgcactc tgacctagct agtgcctggg 840
   gcccagtgac ctggggggagc ctggctgcag gccctcactg gttccctaaa ccttggtggc 900
20  tgtgattcag gtccccaggg gggactcagg gaggaatatg gctgagttct gtagtttcca 960
   gagttggctg gtagagcctt ctagaggttc agaataatag cttcaggatc agctgggggt 1020
   atggaattgg ctgaggatca aacgtatgta ggtgaaagga taccaggatg ttgctaaagg 1080
   tgagggacag tttgggtttg ggacttacca gggatgatgt agatctggaa cccccaagtg 1140
   aggctggagg gagttaaggc cagtatggaa gatagggttg ggacagggtg ctttggaatg 1200
25  aaagagtgac cttagagggc tccttgggcc tcagggaatgc tcctgctgct gtgaagatga 1260
   gaagggtgctc ttactcagtt aatgatgagt gactatattt accaaagccc ctacctgctg 1320
   ctgggtccct tgtagcacag gagactgggg ctaaggggccc ctcccaggga agggacacca 1380
   tcaggcctct ggctgaggca gtagcataga ggatccattt ctacctgcat tcccagagg 1440
   actagcagga ggcagccttg agaaaccggc agttcccaag ccagcgcctg gctgttctct 1500
30  cattgtcact gccctctccc caacctctcc tctaaccacac tagagattgc ctgtgtcctg 1560
   cctcttgccct cttgtagaat gcagctctgg ccctcaataa atgcttcctg cattcatctg 1620
   caaaaaaaaa
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 45:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 169 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

40 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

5 (vi) HERKUNFT:

~~(A) ORGANISMUS: MENSCH~~

(C) ORGAN: Endothelzelle

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

10 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 45:

15

```
tcttttgctt ttagcttttt atttttgtat taacaggagt cttattacac ataggtctga 60
taaaactggt ttatgatctt cagtctgatt ccagtgctgc ataactagat aacgtatgaa 120
ggaaaaacga cgacgaacaa aaaagtaagt gcttggaaga cttagttga
```

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 46:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 769 Basenpaare

25 (B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN: Endothelzelle

5

---

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## 10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 46:

tgcagggtcat atttactatc ggcaataaaa ggaagcaaag cagtattaag cagcgggtgga 60  
 atttgtcgct ttcacttttt ataaagtgc acataaaatg tcatatttcc aaatttataa 120  
 15 acataactcc agttcttacc atgagaacag catggtgatc acgaaggatc ttcttgaaaa 180  
 aaacaaaaac aaaaacaaaa aacaatgatc tcttctgggt atcacatcaa atgagataca 240  
 aagggtgtact aggcaatctt agagatctgg caacttattt tatatataag gcatctgtga 300  
 ccaagagacg ttatgaatta aatgtacaaa tgtattatgt ataaatgtat taaatgcaag 360  
 cttcatataa tgacaccaat gtctctaagt tgctcagaga tcttgactgg ctgtggccct 420  
 20 ggccagctcc tttcctgata gtctgattct gccttcatat ataggcagct cctgatcatc 480  
 catgccagtg aatgagaaaa caagcatgga atatataaac tttaacatta aaaaatgttt 540  
 tattttgtaa taaaatcaaa tttcccattg aaaccttcaa aaactttgca gaatgagggt 600  
 ttgatataatg tgtacaagta gtaccttctt agtgcaagaa aacatcatta tttctgtctg 660  
 cctgcctttt tgttttttaa aatgaagact atcattgaaa caagtttgct ttcagtatca 720  
 25 ggacatgttg acggagagga aaggtaggaa agggtaggg atagaagcc

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 47:

## 30 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2529 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

5 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN: Endothelzelle

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

10 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 47:

15

|               |             |             |            |             |             |      |
|---------------|-------------|-------------|------------|-------------|-------------|------|
| tttagttcat    | agtaatgtaa  | aaccatttgt  | ttaattctaa | atcaaatacac | tttcacaaca  | 60   |
| gtgaaaatta    | gtgactgggt  | aaggtgtgcc  | actgtacata | tcatcatttt  | ctgactgggg  | 120  |
| tcaggacctg    | gtcctagtc   | acaaggtgg   | caggaggagg | gtggaggcta  | agaacacaga  | 180  |
| aaacacacaa    | aagaaaggaa  | agctgccttg  | gcagaaggat | gaggtggtga  | gcttgccgag  | 240  |
| 20 ggatggtggg | aagggggctc  | cctgttgggg  | ccgagccagg | agtcccaagt  | cagctctcct  | 300  |
| gccttactta    | gctcctggca  | gaggggtgag  | ggggacctac | gaggttcaaa  | atcaaattggc | 360  |
| atttggccag    | cctggcttta  | ctaacagggt  | cccagagtgc | ctctgttggc  | tgagctctcc  | 420  |
| tgggctcact    | ccattttcatt | gaagagtcca  | aatgattcat | tttcctaccc  | acaacttttc  | 480  |
| attattcttc    | tggaaaccca  | tttctgttga  | gtccatctga | cttaagtcct  | ctctccctcc  | 540  |
| 25 actagtggg  | gccactgcac  | tgaggggggt  | cccaccaatt | ctctctagag  | aagagacact  | 600  |
| ccagaggccc    | ctgcaacttt  | gcggatttcc  | agaaggtgat | aaaaagagca  | ctcttgagtg  | 660  |
| ggtgccccag    | aatgttttaa  | atctatcagg  | cacactataa | agctggtggg  | ttcttcctac  | 720  |
| caagtggatt    | cggcatatga  | accacctact  | caatacttta | tattttgtct  | gtttaaacac  | 780  |
| tgaactctgg    | tgttgacagg  | tacaaaggag  | aagagatggg | gactgtgaag  | aggggagggc  | 840  |
| 30 ttccctcatc | ttcctcaaga  | tctttgtttc  | cataaactat | gcagtcataa  | ttgagaaaaa  | 900  |
| gcaatagatg    | gggcttccta  | ccatttggtg  | gttattgctg | gggttagcca  | ggagcagtgt  | 960  |
| ggatggcaaa    | gtaggagaga  | ggcccagagg  | aaagcccata | tccctccagc  | tttgggggtct | 1020 |
| ccagaaagag    | gctggatttc  | tgggatgaag  | cctagaaggc | agagcaagaa  | ctgttccacc  | 1080 |
| aggtgaacag    | tcctacctgc  | ttggtaccat  | agtccttcaa | taagattcag  | aggaagaagc  | 1140 |
| 35 ttatgaaact | gaaaatcaaa  | tcaagggtatt | gggaagaata | atttcccctc  | gattccacag  | 1200 |
| gaggggaagac   | cacacaatat  | cattgtgctg  | gggtcctcca | aggccctgcc  | acctggcttt  | 1260 |
| acaaatcatc    | aggggttgcc  | tgcttggcag  | tcacatgctt | ccctggtttt  | agcacacata  | 1320 |
| caaggagttd    | tcagggaact  | ctatcaagcc  | ataccaaaat | cagggtcaca  | tgtgggtttc  | 1380 |
| cccttttcct    | gcctcttcct  | aaaagacaac  | ttggcttctg | aggatgggtg  | tcttttgcat  | 1440 |
| 40 gcagttgggc | tgacctgaca  | aagccccag   | tttcctgtgg | caggttctgg  | gagaggatgc  | 1500 |
| attcaagctt    | ctgcagccta  | ggggacaggg  | ctgcttggtc | agttattact  | gcctcggagc  | 1560 |
| tccaaatccc    | accaaagtcc  | tgactccagg  | tctttcctaa | tgacagtag   | tcagtctcag  | 1620 |
| cttcggcagt    | attctcggct  | gtatgttctc  | tggcagagag | aggcagatga  | acatagtttt  | 1680 |
| agggagaaag    | ctgatgggaa  | acctgtgagt  | taagccacat | gtctcaccag  | gaataattta  | 1740 |
| 45 tgccaggaaa | ccaggaagtc  | attcaagttg  | ttctctgagg | ccaaagacac  | tgagcacagc  | 1800 |
| ccagagccaa    | taaaagatct  | ttgagtctct  | ggtgaattca | cgaagtgacc  | ccagctttag  | 1860 |

```

ctactgcaat tatgattttt atgggacagc aatttcttgc atctctacag aggaagaaga 1920
gggggagtg ggagggaagg aaagagaaca gagcggcact gggatttgaa aggggaacct 1980
ctctatctga ggagccccc ctaggttcag aagcaactta ccaaggggta tttaaagaca 2040
tgaaaatttc cagaaatacc atttggtgca tccctttgtt tctgtaatat taaactcagg 2100
5  tgaaattata ctctgacagt ttctctcttt ctgcctcttc cctctgcaga gtcaggacct 2160
gcagaactgg ctgaaacaag atttcatggt gtcacccatg agagatgact caatgccaag 2220
gcctgaagtt atagagtgtt tacagcgggtg gcgatattca ggggtcatcg ccaactggtc 2280
tcgagttcca aagctctgat gaagaaacaa gactccttga tgtgttactg atcccactga 2340
ttccaggagt caagattagc caggaagcca aacaccagga gttgggggtg cacgtcacca 2400
10 gtccagagcc ctgccacgga tgtacgcagg agcccagcat taggcaatca ggagccagaa 2460
catgatcacc agggccacaa ataggaagag gcgtgacagg aactgctcgt ccacatacct 2520
ggggtgtcc

```

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 48:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1553 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

20 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNAs

25

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

30 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN: Endothelzelle

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 48:



|    |             |            |             |             |             |             |      |
|----|-------------|------------|-------------|-------------|-------------|-------------|------|
|    | tttttttttt  | tttttgattt | ctgggacaat  | taagctttat  | ttttcatata  | tatatatatt  | 60   |
|    | ttcatatata  | tatatacata | catatataaa  | ggaaacaatt  | tgcaaattta  | cacacctgac  | 120  |
|    | aaaaccatat  | atacacacat | atgtatgcat  | acacacagac  | agacacacac  | acccgaagct  | 180  |
| 5  | ctagccaggc  | ccgttttcca | tcctaagta   | ccattctctc  | atttgggccc  | ttctagggtt  | 240  |
|    | ggggccctga  | gcttggtttg | tagaagtttg  | gtgctaatat  | aaccatagct  | ttaatcccca  | 300  |
|    | tgaaggacag  | tgtagacctc | atctttgtct  | gctccccgct  | gcctttcagt  | tttacgtgat  | 360  |
|    | ccatcaagag  | ggctatggga | gccaagtga   | cacgggggat  | tgaggcta    | tcacctgaac  | 420  |
|    | tcgaaaacag  | cgcccagctt | cctcaccgca  | ggcacgcgtc  | ttttcttttt  | ttttcctcga  | 480  |
| 10 | gacggagtct  | cgctgtgttg | cccaggctgg  | agtgcagtgg  | cacgggtctcg | gctcactgca  | 540  |
|    | agctccacct  | cctggattca | taccattctc  | ctgcttcagc  | cttccgagta  | gctgggacta  | 600  |
|    | taggtgccaa  | ccactacgcc | tagctaattt  | ttttttgtat  | tttttagtaga | gacagggttt  | 660  |
|    | caccgtgtta  | gccaggatgg | tctcgtcctg  | acttttgtat  | ccgcccgcct  | cggcctccca  | 720  |
|    | aagtgtctgg  | attacaggcg | tgagccacca  | cacctggccc  | cggcacgtat  | cttttaagga  | 780  |
| 15 | atgacaccag  | ttcctggcct | ctgaccaaag  | aaaaaatgtc  | acaggagact  | ttgaagaggc  | 840  |
|    | agacaggagg  | gtggtggcag | caacactgca  | gctgcttctg  | gatgctgctg  | gggtgctctc  | 900  |
|    | cggagcgggt  | gtgaacagcg | cacttcaaca  | tgagcaggcg  | cctggctccg  | gtgtgtcctc  | 960  |
|    | acttcagtgg  | tgcacctgga | tgggtggaagc | cagcctttgg  | ggcaggaaac  | cagctcagag  | 1020 |
|    | aggctaccca  | gctcagctgc | tggcaggagc  | caggatattta | cagccataat  | gtgtgtaaag  | 1080 |
|    | aaaaaacacg  | ttctgcaaga | aactctccta  | cccgtctcgg  | agactggggc  | tccttgcttg  | 1140 |
|    | ggatgagctt  | cactcaacgt | ggagatggtg  | gtggactggt  | ccctgaaaag  | cgggccttgc  | 1200 |
|    | agggccaaagt | gaggtcctca | ggtcctaac   | ccagtggccc  | tctgaaaggg  | ggtgtgcagg  | 1260 |
|    | cgaggggagc  | aggaggcttc | tctctagtcc  | ctttggaggc  | tttggctgag  | agaagagtga  | 1320 |
|    | gcagggagct  | gggaatggtc | caggcaggga  | agggagctga  | agtgattcgg  | ggctaattgcc | 1380 |
| 25 | tcagatcgat  | gtatttctct | ccctggtctc  | ccggagccct  | cttgtcaccg  | ctgctgccct  | 1440 |
|    | gcaggaggcc  | catctcttct | gggagcttat  | ctgacttaac  | ttcaactaca  | agttcgctct  | 1500 |
|    | tacgagaccg  | ggggtagcgt | gatctcctgc  | ttccttgagc  | gcctgcacgg  | cag         |      |

## 30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 49:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 921 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

40

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN: Endothelzelle

## 5 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 49:

10

ctgtggtccc agctactcag gaggetgagg cgggaggatt gcttgagccc aggagttgga 60  
 tgttgacagt agccaagatc gcaccattgc cctccactct gggccacgga gcaataccct 120  
 gtctcagaaa acaacaaca aaaagcagaa acgctgaagg ggtcgggtta cgggaaaacc 180  
 15 gectgtcaga acacttggct actcctaccc cagatcagt gacctgggaa tgagggttgg 240  
 tcccgggagg cttttctcca agctgttgcc accagaccg ccatgggaac cctggccaca 300  
 gaagcctccc ggggagttag ccagagcctg gaccgctgtg ctgatgtgtc tggggtggag 360  
 ggagggtggg gagtgtgcaa ggtgtgtgt gtgccgggg ggtgttcatt ggcaagcatg 420  
 tgcgtgcctg tgtgtgtgctg tgcccctccc ctgcagccgt cgggtggtatc tccctccagc 480  
 20 cccttcgcca cttctgagc attgtctgtc cacgtgagac tgcccagaga cagcagagct 540  
 ccacgtgggt ttaaggggag acctttccct ggacctgggg gtctcgccgt atctcatgac 600  
 cagggtgctaa atgacccgac atgcattacc tgcccttcga tgaccaacct cctgtcccc 660  
 gtcccgtga cctgcccccg tgccgtctca cggatgatgc tgctcctgac attggtgttc 720  
 actgtagcaa actacattct ggatgggaat tttcatgtac atgtgtggca tgtggaaaat 780  
 25 ttcaaataaa atggacttga tttagaaagc caaaaagctg tgtggtcctt ccagcacgga 840  
 tactttgacc tcttgcttac aacccttcc ttgggtccga ggctggtagc tttgttcact 900  
 tcagatgggt gggggcggtt g

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 50:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 338 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

35

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

5

---

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN: Endothelzelle

10

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 50:

15

20

```

atgatctatc tagatgccct accgtaaaat caaaacacaa aaccctactg actcattccc 60
tcccttccag atattacccc atttctctac ttcccattgt agccaaactt tccaaaaatt 120
catgttctgt cttcatttcc tcatgttcaa cccaccctgt cttagctacc acccctcagt 180
aacgacctag cctgggtaga aacaaatgtc agcatgatac cataactcaat gatccttcgt 240
cactgttgtc attgtcatca ttccatggcc ttactttccc tctcagcgcc atttgctaca 300
gtaagaaact ttctttcttg aattcttggt tctcttgg
  
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 51:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1191 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

30

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNAs

35

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

5 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN: Endothelzelle

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

10 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 51:

15

```

ctagcaagca ggtaaagcag ctttgtacaa acacacacag accaacacat ccgggggatgg 60
ctgtgtgttg ctagagcaga ggctgattaa acactcagtg tgttggtctt ctgtgccact 120
cctggaaaat aatgaattgg gtaaggaaca gttaataaga aaatgtgcct tgctaactgt 180
gcacattaca acaaagagct ggcagctcct gaaggaaaag ggcttgtgcc gctgccgttc 240
aaacttgtca gtcaactcat gccagcagcc tcagcgtctg cctccccagc acaccctcat 300
tacatgtgtc tgtctggcct gatctgtgca tctgctcgga gacgctcctg acaagtcggg 360
aatttctcta tttctccact ggtgcaaaga gcggatttct ccctgcttct cttctgtcac 420
ccccgctcct ctccccccag aggtccttg atttatggta gctttggact tgcttccccg 480
tctgactgtc cttgacttct agaatggaag aagctgagct ggtgaaggga agactccagg 540
ccatcacaga taaaagaaaa atacaggaag aaatctcaca gaagcgtctg aaaatagagg 600
aagacaaaact aaagcaccag catttgaaga aaaaggcctt gagggagaaa tggcttctag 660
atggaatcag cagcggaaaa gaacaggaag agatgaagaa gcaaaatcaa caagaccagc 720
accagatcca ggttctagaa caaagtatcc tcaggcttga gaaagagatc caagatcttg 780
aaaaagctga actgcaaata tcaacgaagg aagaggccat tttaaagaaa ctaaagtcaa 840
30 ttgagcggac aacagaagac attataagat ctgtgaaagt ggaaagagaa gaaagagcag 900
aagagtcaat tgaggacatc tatgctaata tccctgacct tccaaagtcc tacatacctt 960
ctagggttaag gaaggagata aatgaagaaa aagaagatga tgaacaaaat aggaaagctt 1020
tatatgccat ggaaattaaa gttgaaaaag acttgaagac tggagaaaag acagttctgt 1080
cttccaatac ctctggccat cagatgactt taaaaggtag aggagtaaaa gtttaagatg 1140
35 atgggcaaaa gtccagtgtg ttcagtaaag tgctaatacac aagttggagg t

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 52:

40

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1200 Basenpaare

- (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

10 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN: Endothelzelle

15

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

20 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 52:

|    |            |            |             |             |             |             |      |
|----|------------|------------|-------------|-------------|-------------|-------------|------|
|    | aacagggact | ctcactctat | caaccccagg  | ctggagtcgg  | gtgcgccac   | cctggctccc  | 60   |
|    | tgcaacctcc | gcctcccagg | ctcaagcaac  | tctcctgcct  | cagtcgctct  | agtagctggg  | 120  |
| 25 | actacaggca | cacaccacca | tgcccagcca  | atTTTTgcat  | TTTTTgtaga  | gacagggttt  | 180  |
|    | cgccttctgt | ccaggccggc | atcatatact  | ttaaatacatg | cccagatgac  | tttaataacct | 240  |
|    | aatacaatat | atcaggttgg | tttaaaaaata | attgcttttt  | tattatTTTT  | gcattttttgc | 300  |
|    | accaacctta | atgctatgta | aatagttggt  | atactgttgc  | ttaacaacag  | tatgacaatt  | 360  |
|    | ttggcttttt | ctttgtatta | ttttgtattt  | TTTTTTTTta  | ttgtgtgggc  | TTTTTTTTtt  | 420  |
| 30 | ttctcagtgt | tttcaattcc | tccttggttg  | aatccatgga  | tgcaaaaccc  | acagatatga  | 480  |
|    | agggtctggc | atatatgcat | tgatgattgt  | cctattatat  | tagttataaa  | gtgtcattta  | 540  |
|    | atatgtagtg | aaagttagtg | tacagtggaa  | agagttagtg  | aaaacataaa  | catttggacc  | 600  |
|    | tttcaagaaa | ggtagcttgg | tgaagttttt  | caccttcaaa  | ctatgtccca  | gtcagggtc   | 660  |
|    | tgctactaat | tagctataat | ctttgcacaa  | attacatcac  | ctttgagtct  | cagttgcctc  | 720  |
| 35 | acctgtaaaa | tgaagaact  | ggatactctc  | taaggtcact  | tccagccctg  | tcattctata  | 780  |
|    | actctgttat | gctgaggaag | aaattcacat  | tgtgttaact  | gtatgagtca  | aactgaaaat  | 840  |
|    | gattattaaa | gtgggaaaaa | gccaatgtct  | tctcttagaa  | agctcaacta  | aatttgagaa  | 900  |
|    | gaataatctt | ttcaattttt | taagaattta  | aatattttta  | agggtttgac  | ctatttattt  | 960  |
|    | agagatgggg | tctcactctg | tcacccagac  | tggagtagac  | tggcacaaatc | atagctcact  | 1020 |
| 40 | gctgcctcaa | attcatgggc | tcaagtgatc  | ctcctgcctc  | tgccctccaga | gtagctgcga  | 1080 |

ctatgggcat gtgccaccac gcctggctaa catttgtatt gacctattta tttattgtga 1140  
 tttatatctt tttttttttt tctttttttt ttttttacia aatcagaaat acttattttg 1200

5 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 53:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 10 (A) LÄNGE: 989 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNAs

15

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

20

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN: Endothelzelle

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

25

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 53:

30

aagccaccac tcaaaaacttc ctatacattt tcacagcaga gacaagtga cttttatttt 60  
 tatgcctttc ttcctatgtg tatttcaagt ctttttcaaa acaaggcccc aggactctcc 120  
 gattcaatta gtccttgggc tggtcgactg tgcaggagtc cagggagcct ctacaaatgc 180  
 agagtgactc tttaccaaca taaaccctag atacatgcaa aaagcaggac ccttcctcca 240  
 35 ggaatgtgcc atttcagatg cacagcaccc atgcagaaaa gctggaattt tccttgggaac 300  
 cgactgtgat agaggtgctt acatgaacat tgctactgtc tttctttttt tttgagacag 360

```

gtttcgcttg tgcccaggct gaggcgcaatg cgtgatctca ctcaactgcaa ttccacctcc 420
aggttcaagc attctcctgc tcagcctcct agtagctggg ttacaggcac tgccaccatg 480
ccggctaatt ttgtattttt gtagagatgg atttctccat ttgggtcaggc ggtctcgaac 540
cccaacctca gtgatctgcc acctcagcct cctaagtgtt ggattacagg atgagccacc 600
5 cgaccggcca ctactgtctt tctttgaccc ttccagtttc gaagataaag aggaaataat 660
ttctctgaag tacttgataa aatttccaaa caaacacat gtccacttca ctgataaaaa 720
atttaccgca gtttggcacc taagagtatg acaacagcaa taaaaagtaa tttcaaagag 780
ttaagatttc ttcagcaaaa tagatgattc acatcttcaa gtcctttttg aaatcagtta 840
ttaatattat tctttcctca tttccatctg aatgactgca gcaatagttt tttttttttt 900
10 tttttttttt ttgcgagatg gaatctcgt ctgtcgccca gggggagtgc aetgggeaaa 960
gcccggctca ccgcaatctc tgccaccgc

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 54:

15

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 250 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

20

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNAs

25

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

30

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN: Endothelzelle

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 54:

5 catttcccca ttggtcctga tgttgaagat ttagttaaag aggctgtaag tcagggttcga 60  
 gcagaggcta ctacaagaag tagggaatca agtccctcac atgggctatt aaaactaggt 120  
 agtggtggag tagtgaaaaa gaaatctgag caacttcata acgtaactgc ctttcaggga 180  
 aaagggcatt ctttaggaac tgcactctgg aaccacacc ttgatccaag agctaggga 240  
 acttcagttg

---

10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 55:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2270 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

15 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNAs

20

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN: Endothelzelle

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

30 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 55:



|    |             |             |             |             |             |             |      |
|----|-------------|-------------|-------------|-------------|-------------|-------------|------|
|    | gcgcccccgga | gcagcgccccg | cgccctccgc  | gccttctccg  | ccgggacctc  | gagcgaaaaga | 60   |
|    | ggccccgcgcg | ccgcccagcc  | ctcgccctccc | tgcccaccgg  | gcacaccgcg  | ccgccacccc  | 120  |
|    | gacccccgctg | cgcacggcct  | gtccgctgca  | caccagcttg  | ttggcgctct  | cgtcgccgcg  | 180  |
|    | ctcgccccgg  | gctactcctg  | cgcgccacaa  | tgagctcccg  | catcgccagg  | gcgctcgcc   | 240  |
| 5  | tagtcgtcac  | ccttctccac  | ttgaccaggc  | tggcgctctc  | cacctgcccc  | gctgcctgcc  | 300  |
|    | actgccccct  | ggaggcgccc  | aagtgcgcgc  | cgggagtcgg  | gctgggtccg  | gacggctgcg  | 360  |
|    | gctgctgtaa  | ggtctgcgcc  | aagcagctca  | acgaggactg  | cagcaaaacg  | cagccctgcg  | 420  |
|    | accacaccaa  | ggggctggaa  | tgcaacttcg  | gcgccaagtc  | caccgctctg  | aaggggatct  | 480  |
|    | gcagagctca  | gtcagagggc  | agaccctgtg  | aatataactc  | cagaatctac  | caaaacgggg  | 540  |
| 10 | aaagtttcca  | gcccactgt   | aaacatcagt  | gcacatgtat  | tgatggcgcc  | gtgggctgca  | 600  |
|    | ttcctctgtg  | tccccaagaa  | ctatctctcc  | ccaacttggg  | ctgtcccaac  | cctcggtctg  | 660  |
|    | tcaaagttac  | cgggcagtcg  | tgcgaggagt  | gggtctgtga  | cgaggatagt  | atcaaggacc  | 720  |
|    | ccatggagga  | ccaggacggc  | ctccttgga   | aggagctggg  | attcgatgcc  | tccgaggtgg  | 780  |
|    | agttgacgag  | aaacaatgaa  | ttgattgcag  | ttggaaaagg  | cagctcactg  | aagcggtccc  | 840  |
| 15 | ctgttttttg  | aatggagcct  | cgcctctat   | acaacccttt  | acaaggccag  | aaatgtattg  | 900  |
|    | ttcaaacaac  | ttcatggtcc  | cagtgtcaca  | agacctgtgg  | aactgggtatc | tccacacgag  | 960  |
|    | ttaccaatga  | caaccctgag  | tgccgccttg  | tgaagaaac   | ccggatttgt  | gaggtgcggc  | 1020 |
|    | cttgtggaca  | gccagtgtag  | agcagcctga  | aaaagggcaa  | gaaatgcagc  | aagaccaaga  | 1080 |
|    | aatcccccgga | accagtcagg  | ttactttacg  | ctggatgttt  | gagtgtgaag  | aaataccggc  | 1140 |
|    | ccaagtactg  | cggttcctgc  | gtggacggcc  | gatgctgcac  | gccccagctg  | accaggactg  | 1200 |
|    | tgaagatgcg  | gttccgctgc  | gaagatgggg  | agacattttc  | caagaacgtc  | atgatgatcc  | 1260 |
|    | agtcctgcaa  | atgcaactac  | aactgcccgc  | atgccaatga  | agcagcgttt  | cccttctaca  | 1320 |
|    | ggctgttcaa  | tgacattcac  | aaatttaggg  | actaaatgct  | acctgggttt  | ccagggcaca  | 1380 |
|    | cctagacaaa  | caaggagaaa  | gagtgtcaga  | atcagaatca  | tggagaaaat  | gggcgggggt  | 1440 |
| 25 | ggtgtgggtg  | atgggactca  | ttgtagaaag  | gaagccttgc  | tcattccttga | ggagcattaa  | 1500 |
|    | ggtatttcga  | aactgccaa   | ggtgctgggtg | cggatggaca  | ctaatagcagc | cacgattgga  | 1560 |
|    | gaatactttg  | cttcatagta  | ttggagcaca  | tgttactgct  | tcatttttga  | gcttgtggag  | 1620 |
|    | ttgatgactt  | tctgttttct  | gtttgtaaat  | tatttgctaa  | gcataattttc | tctaggcttt  | 1680 |
|    | tttccttttg  | gggttctaca  | gtcgtaaaag  | agataataag  | attagttgga  | cagtttaaag  | 1740 |
| 30 | ctttttattcg | tcctttgaca  | aaagtaaatg  | ggagggcatt  | ccatcccttc  | ctgaaggggg  | 1800 |
|    | acactccatg  | agtgtctgtg  | agaggcagct  | atctgcactc  | taaactgcaa  | acagaaatca  | 1860 |
|    | ggtgttttaa  | gactgaatgt  | tttattttatc | aaaatgtagc  | ttttggggag  | ggaggggaaa  | 1920 |
|    | tgtaatactg  | gaataatttg  | taaatgattt  | taattttata  | ttcagtgaag  | agattttatt  | 1980 |
|    | tatggaatta  | accatttaaat | aaagaaatat  | ttaccttaata | tctgagtgtg  | tgccattcgg  | 2040 |
| 35 | tatttttaga  | ggtgctccaa  | agtcattagg  | aacaacctag  | ctcacgtact  | caattattca  | 2100 |
|    | aacaggactt  | attgggatac  | agcagtgaat  | taagctatta  | aaataagata  | atgattgctt  | 2160 |
|    | ttataccttc  | agtagagaaa  | agtctttgca  | tataaagtaa  | tgtttaaaaa  | acatgtattg  | 2220 |
|    | aacacgacat  | tgtatgaagc  | acaataaaga  | ttctgaagct  | aaaaaaaaaa  |             |      |

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 56:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1636 Basenpaare

45 (B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

5

~~(iii) ANTI-SENSE: NEIN~~

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10

(C) ORGAN: Endothelzelle

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 56:

20

30

35

40

```

cttgaatgaa gctgacacca agaaccgcgg gaagagcttg ggcccaaagc aggaaagggga 60
agcgctcgag ttggaaagga accgctgctg ctggccgaac tcaagcccg ggcgccccac 120
cagtttgatt ggaagtccag ctgtgaaacc tggagcgctg ccttctcccc agatggctcc 180
tggtttgctt ggtctcaagg acaactgcac gtcaaactga tccccctggc gttggaggag 240
cagttcatcc ctaaagggtt tgaagccaaa agccgaagta gcaaaaatga gacgaaaggg 300
cggggcagcc caaaagagaa gacgctggac tgtggtcaga ttgtctgggg gctggccttc 360
agcccggtggc cttccccacc cagcaggaag ctctgggcac gccaccaccc ccaagtgcc 420
gatgtctctt gcctggttct tgctacggga ctcaacgatg ggcagatcaa gatctgggag 480
gtgcagacag ggctcctgct tttgaatctt tccggccacc aagatgtcgt gagagatctg 540
agcttcacac ccagtggcag tttgattttg gtctccgcgt cacgggataa gactcttcgc 600
atctgggacc tgaataaaca cggtaaacag attcaagtgt tatcgggcca cctgcagtgg 660
gtttactgct gttccatctc ccagactgc agcatgctgt gctctgcagc tggagagaag 720
tcggtctttc tatggagcat gaggtcctac acgttaattc ggaagctaga gggccatcaa 780
agcagtgttg tctcttgatg cttctcccc gactctgcc tgcttgtcac ggcttcttac 840
gataccaatg tgattatgtg ggaccctac accggcgaaa ggctgaggtc actccaccac 900
acccaggttg accccgccat ggatgacagt gacgtccaca ttagctcact gagatctgtg 960
tgcttctctc cagaaggctt gtaccttgcc acggtggcag atgacagact cctcaggatc 1020
tgggcccctg aactgaaaac tcccattgca tttgctccta tgaccaatgg gctttgctgc 1080
acattttttc cacatggttg agtcattgcc acagggacaa gagatggcca cgtccagttc 1140
tggacagctc ctagggtcct gtcctcactg aagcacttat gccggaaagc ccttcgaagt 1200
ttcctaacia cttaccaagt cctagcactg ccaatcccca agaaaatgaa agagttcctc 1260
acatacagga ctttttaagc aacaccacat cttgtgcttc tttgtagcag ggtaaactcg 1320
cctgtcaaag ggagttgctg gaataatggg ccaaacatct ggtcttgcat tgaaatagca 1380
tttctttggg attgtgaata gaatgtagca aaaccagatt ccagtgtaca taaaagaatt 1440
tttttgtctt taaatagata caaatgtcta tcaactttaa tcaagttgta acttatattg 1500
aagacaattt gatacataat aaaaaattat gacaatgtcc tgggaaaaaa aaatgtaga 1560

```

aagatggtga aggggtgggat ggatgaggag cgtggtgacg ggggcctgca gcggttggg 1620  
gaccctgtgc tgcgtt

5 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 57:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 460 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
10 (C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNAs

15

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

20

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN: Endothelzelle

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

25

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 57:

30

ccatgtgtgt atgagagaga gagagattgg gagggagagg gagctcacta gcgcatatgt 60  
gcctccaggg ggctgcagat gtgtctgagg gtgagcctgg tgaaagagaa gacaaaagaa 120  
tggaatgagc taaagcagcc gcctgggggtg ggaggccgag cccatttgta tgcagcaggg 180  
ggcaggagcc cagcaagga gcctccattc ccaggactct ggaggagct gagaccatcc 240  
35 atgcccgcag agccctccct cacactccat cctgtccagc cctaattgtg caggtgggga 300  
aactgaggct gggaagtcac atagcaagtg actggcagag ctgggactgg aaccaacca 360

gcctcctaga ccacggttct tcccatcaat ggaatgctag agactccagc caggtgggta 420  
ccgagctcga attcgtaatc atggtcatag ctgtttctg

5 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 58:

---

(i) SEQUENZ-CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1049 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

10 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNAs

15

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

20 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN: Endothelzelle

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

25 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 58:

30

atctgatcaa gaatacctgc cctggtcact ctgcggatgt ttctgtccac ttgttcacat 60  
tgaggaccaa gatatacctt ttacagagg cacttggtcg gtctaacaca gacacctcca 120  
tgacgacatg ctggctcaca ttttgagtt ctgcagaagt cccctccca gcctggacta 180  
cagcagcact ttcccgtagg ggtgcagtag ccgtttcgac agagcctgga gcactctgaa 240  
35 gtcagtgtct gtgcaggttg taccgtggct ctgcattcct caggcattaa aggtcttttg 300  
ggatctacaa ttttgtagag ttttcattg tgagtctggg tcatactttt actgcttgat 360

```

aaaatgtaaa cttcacctag ttcattcttct ccaaattccca agatgtgacc ggaaaagtag 420
cctctacagg acccactagt gccgacacag agtgggtttt cttgccactg ctttgtcaca 480
ggacttttgct ggagagtttag gaaattccca ttacgatctc caaacacgta gcttccatac 540
aatcttttctg actggcagcc ccggtataca aatccacca ccaaaggacc attactgaat 600
5 ggcttgaatt ctaaaagtga tggctcactt tcataatctt tcccctttat tatctgtaga 660
attctggctg atgatctgtt ttttccattg gagtctgaac acagtatcgt taaattgatg 720
tttatatcag tgggatgtct atccacagca catctgcctg gatcgtggag cccatgagca 780
aacacttcgg ggggctggtt ggtgctgttg aagtgtgggt tgctccttgg tatggaataa 840
ggcacgttgc acatgtctgt gtccacatcc agccgtagca ctgagcctgt gaaatcactt 900
10 aacccatcca tttcttccat atcatccagt gtaatcatcc catcaccaag aatgatgtac 960
aaaaaccgt cagggccaaa gagcagttgc cctcccagat gctttctgtg gagttctgca 1020
acttcaagaa agactctggc tgttctcaa

```

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 59:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 747 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

20 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNAs

25

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

30 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN: Endothelzelle

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

35 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 4:

|    |             |                |            |            |            |            |            |    |
|----|-------------|----------------|------------|------------|------------|------------|------------|----|
|    | tttttcaa    | at             | cacatatggc | ttctttgacc | ccatcaaata | actttattca | cacaaacgtc | 60 |
|    | ccttaattta  | caaagcctca     | gtcattcata | cacattaggg | gatccacagt | gttcaaggaa | 120        |    |
| 5  | cttaaata    | tataatgtatcata | ccaacccaag | taaaccaagt | acaaaaata  | ttcatataaa | 180        |    |
|    | gttgttcaca  | cgtaggtcct     | agattaccag | cttctgtgca | aaaaaaggaa | atgaagaaaa | 240        |    |
|    | atagatttat  | taactagtat     | tggaaactaa | ctttgtgcct | ggcttaaaac | ctccctcacg | 300        |    |
|    | ctcgtctgtc  | ccacacaaat     | gtttaagaag | tcactgcaat | gtactccccg | gctctgatga | 360        |    |
|    | aaagaagccc  | ctggcacaaa     | agattccagt | gcccctgaag | aggctccctt | cctcctgtgg | 420        |    |
| 10 | gctctcctag  | aaaaccagcg     | ggacggcctc | cctgctgata | ccgtctataa | ccttaggggg | 480        |    |
|    | ccctcgggca  | ggcaacggca     | gtggactcat | ctcggtgatg | gctgtagatg | ctaacactgg | 540        |    |
|    | ccaattcaat  | gccacaccta     | ctgggttacc | tttgagggca | tttctccaga | cagaagcccc | 600        |    |
|    | ttgaagccta  | ggtagggcag     | gatcagagat | acaccgtgt  | ttgtctcgaa | gggctccaca | 660        |    |
|    | gcccagtagc  | acatgcttgc     | agaagtagta | tctctggact | tctgcctcca | gtcgaccggc | 720        |    |
| 15 | cgcgaaattta | gtagtaatag     | cggccgc    |            |            |            |            |    |

## Patentansprüche

1. Eine Nukleinsäure-Sequenz, die ein Genprodukt oder ein Teil davon kodiert, umfassend
  - a) ~~eine Nukleinsäure-Sequenz, ausgewählt aus der Gruppe Seq ID No. 1 bis Seq. ID No. 59~~
  - b) eine allelische Variation der unter a) genannten Nukleinsäure-Sequenzen
  - oder
  - c) eine Nukleinsäure-Sequenz, die komplementär zu den unter a) oder b) genannten Nukleinsäure-Sequenzen ist.
2. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einer der Sequenzen Seq ID No. 1 bis Seq. ID No. 59 oder eine komplementäre oder allelische Variante davon.
3. Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 59, dadurch gekennzeichnet, daß sie in Endothelzellgewebe erhöht exprimiert sind.
4. BAC, PAC und Cosmid-Klone, enthaltend funktionelle Gene und ihre chromosomale Lokalisation, entsprechend den Sequenzen Seq. ID. No. 1 bis Seq. ID No. 59, zur Verwendung als Vehikel zum Gentransfer.
5. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 4, dadurch gekennzeichnet, daß sie eine 90% ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweist.

6. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 4, dadurch gekennzeichnet, daß sie eine 95% ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweist.

5

7. ~~Eine Nukleinsäure-Sequenz, umfassend einen Teil der in den Ansprüchen 1 bis 6 genannten Nukleinsäure-Sequenzen, in solch einer ausreichenden Größe, daß sie mit den Sequenzen gemäß den Ansprüchen 1 bis 6 hybridisieren.~~

10

8. Ein Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 50 bis 3000 bp aufweist.

15

9. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 150 bis 2800 bp aufweist.

20

10. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 150 bis 2600 bp aufweist.

25

11. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einem der Ansprüche 1 bis 10, die mindestens eine Teilsequenz eines biologisch aktiven Polypeptids kodiert.

30

12. Eine Expressionskassette, umfassend ein Nukleinsäure-Fragment oder eine Sequenz gemäß einem der Ansprüche 1 bis 10, zusammen mit mindestens einer Kontroll- oder regulatorischen Sequenz.



13. Eine Expressionskassette, umfassend ein Nukleinsäure-Fragment oder eine Sequenz gemäß Anspruch 12, worin die Kontroll- oder regulatorische Sequenz ein geeigneter Promotor ist.

5

- ~~14. Eine Expressionskassette gemäß einem der Ansprüche 12 und 13, dadurch gekennzeichnet, daß die auf der Kassette befindlichen DNA-Sequenzen ein Fusionsprotein kodieren, das ein bekanntes Protein und ein biologisch aktives Polypeptid-Fragment umfaßt.~~

10

15. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Ansprüchen 1 bis 11 zur Herstellung von Vollängen-Genen.

15

16. Ein DNA-Fragment, umfassend ein Gen, das aus der Verwendung gemäß Anspruch 15 erhältlich ist.

20

17. Wirtszelle, enthaltend als heterologen Teil ihrer exprimierbaren genetischen Information ein Nukleinsäure-Fragment gemäß einem der Ansprüche 1 bis 11.

25

18. Wirtszelle gemäß Anspruch 17, dadurch gekennzeichnet, daß es ein prokaryontisches oder eukaryontische Zellsystem ist.

30

19. Wirtszelle gemäß einem der Ansprüche 17 oder 18, dadurch gekennzeichnet, daß das prokaryontische Zellsystem E. coli und das eukaryontische Zellsystem ein tierisches, humanes oder Hefe-Zellsystem ist.

20. Ein Verfahren zur Herstellung eines Polypeptids oder eines Fragments, dadurch gekennzeichnet, daß die Wirtszellen gemäß den Ansprüchen 17 bis 19 kultiviert werden.

5

- ~~21. Ein Antikörper, der gegen ein Polypeptid oder ein Fragment gerichtet ist,~~  
welches von den Nukleinsäuren der Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 59 kodiert wird, das gemäß Anspruch 20 erhältlich ist.

10

22. Ein Antikörper gemäß Anspruch 21, dadurch gekennzeichnet, daß er monoklonal ist.

15

23. Polypeptidsequenz, exprimiert von einer der Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 59.

20

24. Polypeptidsequenzen gemäß Anspruch 23, mit mindestens 80%iger Homologie zu diesen Sequenzen.

25

25. Polypeptidsequenzen gemäß Anspruch 23, mit mindestens 90%iger Homologie zu diesen Sequenzen.

30

26. Verwendung der Polypeptidsequenzen gemäß den Ansprüchen 23 bis 25 als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen angiogenetische Erkrankungen.

27. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 59 zur Expression von Polypeptiden, die als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen angiogenetische Erkrankungen verwendet werden können.

5

28. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 59 in sense oder antisense Form.

10

29. Verwendung der Polypeptidsequenzen gemäß den Ansprüchen 23 bis 25 als Arzneimittel in der Gentherapie zur Behandlung angiogenetischer Erkrankungen.

15

30. Verwendung der Polypeptidsequenzen gemäß den Ansprüchen 23 bis 25 zur Herstellung eines Arzneimittels zur Behandlung angiogenetischer Erkrankungen.

20

31. Arzneimittel, enthaltend mindestens eine Polypeptidsequenz gemäß den Ansprüchen 23 bis 25.

25

32. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 11, dadurch gekennzeichnet, daß es eine genomische Sequenz ist.

30

33. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 11, dadurch gekennzeichnet, daß es eine mRNA-Sequenz ist.

34. Genomische Gene, ihre Promotoren, Enhancer, Silencer, Exonstruktur, Intronstruktur und deren Spleißvarianten, erhältlich aus den cDNAs der Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 59.

5

- ~~35. Verwendung der genomischen Gene gemäß Anspruch 34, zusammen mit geeigneten regulativen Elementen.~~

- 10 36. Verwendung gemäß Anspruch 35, dadurch gekennzeichnet, daß das regulative Element ein geeigneter Promotor und/ oder Enhancer ist.

15

37. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Ansprüchen 1 bis 11 und der Peptide gemäß den Ansprüchen 23 bis 25, entweder alleine oder in Formulierung als Arzneimittel zur Behandlung von Psoriasis, Arthritis, wie rheumatoide Arthritis, Hämangioma, Angiofibroma, Augenerkrankungen, wie diabetische Retinopathie, Neovaskulares Glaukom, Nierenerkrankungen, wie Glomerulonephritis, diabetische Nephropatie, maligne Nephrosklerose, thrombische mikroangiopatische Syndrome, Transplantationsabstoßungen und Glomerulopathie, fibrotische Erkrankungen, wie Leberzirrhose, mesangialzellproliferative Erkrankungen, Artherosklerose und Verletzungen des Nervengewebes.

20

## Zusammenfassung

Es werden Nukleinsäure-Sequenzen -mRNA, cDNA, genomische Sequenzen- aus Gewebe menschlicher Endothelzellen, die für Genprodukte oder Teile davon

5 kodieren und deren Verwendung beschrieben. Es werden weiterhin die über die

~~Sequenzen erhältlichen Polypeptide und deren Verwendung beschrieben.~~

---

